

PCT/JP97/03239

日 本 国 特 許 庁

12.09.97

PATENT OFFICE
JAPANESE GOVERNMENT

別紙添付の書類に記載されている事項は下記の出願書類に記載されている事項と同一であることを証明する。

This is to certify that the annexed is a true copy of the following application as filed with this Office.

出 願 年 月 日
Date of Application:

1996年 9月13日

REC'D 31 OCT 1997

出 願 番 号
Application Number:

平成 8年特許願第243060号

PCT

出 願 人
Applicant(s):

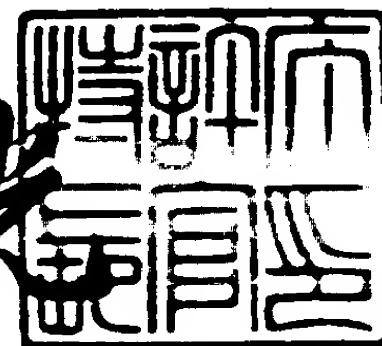
財団法人相模中央化学研究所
株式会社プロテジーン

PRIORITY DOCUMENT

1997年10月17日

Patent Office

荒井寿孝



【書類名】 特許願

【整理番号】 S018065

【提出日】 平成 8年 9月13日

【あて先】 特許庁長官殿

【発明の名称】 分泌シグナル配列を有するヒト蛋白質およびそれをコードするDNA

【請求項の数】 4

【発明者】

 【住所又は居所】 神奈川県相模原市南台1-9-2

 【氏名】 加藤 誠志

【発明者】

 【住所又は居所】 神奈川県相模原市西大沼4-4-1

 【氏名】 関根 伸吾

【発明者】

 【住所又は居所】 東京都葛飾区高砂5-13-11

 【氏名】 山口 知子

【発明者】

 【住所又は居所】 神奈川県藤沢市長後647-2

 【氏名】 小林 みどり

【特許出願人】

 【代表出願人】

 【識別番号】 000173762

 【郵便番号】 229

 【住所又は居所】 神奈川県相模原市西大沼4丁目4番1号

 【氏名又は名称】 財団法人相模中央化学研究所

 【代表者】 近藤 聖

 【電話番号】 0427(42)4791

【特許出願人】

 【郵便番号】 153

特平 8-243060

【住所又は居所】 東京都目黒区中町2丁目20番3号

【氏名又は名称】 株式会社プロテジーン

【代表者】 棚井 丈雄

【電話番号】 03(3792)1019

【手数料の表示】

【予納台帳番号】 011501

【納付金額】 21,000円

【提出物件の目録】

【物件名】 明細書 1

【物件名】 図面 1

【物件名】 要約書 1

【プルーフの要否】 要

【書類名】 明細書

【発明の名称】 分泌シグナル配列を有するヒト蛋白質およびそれをコードするDNA

【特許請求の範囲】

【請求項1】 配列番号1から配列番号9で表されるアミノ酸配列のいずれかを含む蛋白質。

【請求項2】 請求項1記載の蛋白質のいずれかをコードするDNA。

【請求項3】 配列番号10から配列番号18で表される塩基配列のいずれかを含むcDNA。

【請求項4】 配列番号19から配列番号27で表される塩基配列のいずれかからなる、請求項3記載のcDNA。

【発明の詳細な説明】

【0001】

【発明の属する技術分野】

本発明は、分泌シグナル配列を有するヒト蛋白質、およびそれをコードしているDNAに関する。本発明の蛋白質は、医薬品として、あるいは該蛋白質に対する抗体を作製するための抗原として用いることができる。本発明のヒトcDNAは、遺伝子診断用プローブや遺伝子治療用遺伝子源として用いることができる。また、該cDNAがコードしている蛋白質を大量生産するための遺伝子源として用いることができる。

【0002】

【従来技術】

細胞は多くの蛋白質を細胞外に分泌している。これらの分泌蛋白質は、細胞の増殖制御、分化誘導、物質輸送、生体防御などにおいて重要な役割を演じている。分泌蛋白質は細胞内蛋白質と異なり、細胞外で作用するので、注射や点滴などによる体内投与が可能であり、医薬としての可能性を秘めている。事実、インターフェロン、インターロイキン、エリスロポイエチン、血栓溶解剤など、多くのヒト分泌蛋白質が現在医薬として使用されている。また、これら以外の分泌蛋白質についても臨床試験が進行中であり、医薬品を目指した用途開発がなされてい

る。ヒト細胞は、まだ多くの未知の分泌蛋白質を生産していると考えられており、これらの分泌蛋白質並びにそれをコードしている遺伝子が入手できれば、これらを用いた新しい医薬品開発が期待できる。

【0003】

従来、これらの分泌蛋白質を得るためには、大量の血液や細胞培養上澄などから生理活性を指標としてターゲット蛋白質を単離精製し、その一次構造を決定したのち、得られたアミノ酸配列情報に基づいて対応するcDNAをクローン化し、これを用いて組換え蛋白質を生産する方法がとられてきた。しかし、分泌蛋白質は一般に含有量が低いので、単離精製することが困難なものが多い。一方、分泌蛋白質やI型膜蛋白質は、そのアミノ末端(N末端)に分泌シグナル配列と呼ばれる約20アミノ酸残基からなる疎水性の配列を有している。したがって、この分泌シグナル配列の有無を指標に、分泌蛋白質やI型膜蛋白質をコードする遺伝子をクローン化することができると考えられる。

【0004】

【発明が解決しようとする課題】

本発明の目的は、分泌シグナル配列を有する新規なヒト蛋白質、および該蛋白質をコードするDNAを提供することである。

【0005】

【課題を解決するための手段】

本発明者らは鋭意研究の結果、ヒト完全長cDNAバンクの中から分泌シグナル配列を有するcDNAを選択的にクローン化し、本発明を完成した。すなわち、本発明は分泌シグナル配列を有するヒト蛋白質である、配列番号1から配列番号9で表されるアミノ酸配列のいずれかを含む蛋白質を提供する。また本発明は上記蛋白質をコードするDNA、例えば配列番号10から配列番号18で表される塩基配列のいずれかを含むcDNAを提供する。

【0006】

本発明の蛋白質は、ヒトの臓器、細胞株などから単離する方法、本発明のアミノ酸配列に基づき化学合成によってペプチドを調製する方法、あるいは本発明の

ヒト分泌蛋白質をコードするDNAを用いて組換えDNA技術で生産する方法などにより取得することができるが、組換えDNA技術で取得する方法が好ましく用いられる。例えば、本発明のcDNAを有するベクターからインビトロ転写によってRNAを調製し、これを鋳型としてインビトロ翻訳を行なうことによりインビトロで発現できる。また翻訳領域を公知の方法により適当な発現ベクターに組換えてやれば、大腸菌、枯草菌、酵母、動物細胞等で、コードしている蛋白質を大量に発現させることができる。

【0007】

本発明の蛋白質を、大腸菌などの微生物で発現させる場合には、微生物中で複製可能なオリジン、プロモーター、リボソーム結合部位、cDNAクローニング部位、ターミネーター等を有する発現ベクターに、本発明のcDNAの翻訳領域を組換えた発現ベクターを作成し、該発現ベクターで宿主細胞を形質転換したのち、得られた形質転換体を培養してやれば、該cDNAがコードしている蛋白質を微生物内で大量生産することができる。この際、分泌シグナル配列を除去した翻訳領域に開始コドンが付加して発現させてやれば、成熟蛋白質を得ることができる。あるいは、他の蛋白質との融合蛋白質として発現させることもできる。該融合蛋白質を適当なプロテアーゼで切断することによって該cDNAがコードする蛋白質部分のみを取得することもできる。

【0008】

本発明の蛋白質を、動物細胞で分泌発現させる場合には、該cDNAの翻訳領域を、プロモーター、スプライシング領域、ポリ(A)付加部位等を有する動物細胞用発現ベクターに組換え、動物細胞内に導入してやれば、本発明の蛋白質を成熟蛋白質として細胞外に分泌生産することができる。

【0009】

本発明の蛋白質には、配列番号1から配列番号9で表されるアミノ酸配列のいかなる部分アミノ酸配列を含むペプチド断片(5アミノ酸残基以上)も含まれる。これらのペプチド断片は抗体を作製するための抗原として用いることができる。また、本発明の蛋白質は、シグナル配列が除去された後、成熟蛋白質の形で細胞外に分泌される。したがって、これらの成熟蛋白質は本発明の蛋白質の範疇に

はいる。成熟蛋白質のN末端アミノ酸配列は、シグナル配列切断部位決定法〔特開平8-187100〕を用いて容易に求めることができる。また、多くの分泌蛋白質は、分泌された後プロセッシングを受けて活性型となる。このような活性型となった蛋白質あるいはペプチドも本発明の蛋白質の範疇にはいる。アミノ酸配列の中に糖鎖結合部位が存在すると、適当な動物細胞で発現させれば糖鎖が付加した蛋白質が得られる。したがって、このような糖鎖が付加した蛋白質あるいはペプチドも本発明の蛋白質の範疇にはいる。

【0010】

本発明のDNAには、上記蛋白質をコードするすべてのDNAが含まれる。該DNAは、化学合成による方法、cDNAクローニングによる方法などを用いて取得することができる。

【0011】

本発明のcDNAは、例えばヒト細胞由来cDNAライブラリーからクローン化することができる。cDNAはヒト細胞から抽出したポリ(A)⁺RNAを鋳型として合成する。ヒト細胞としては、人体から手術などによって摘出されたものでも培養細胞でも良い。cDNAは、岡山-Berg法〔Okayama, H. and Berg, P., Mol. Cell. Biol. 2:161-170 (1982)〕、Gubler-Hoffman法〔Gubler, U. and Hoffman, J. Gene 25:263-269 (1983)〕などいかなる方法を用いて合成してもよいが、完全長クローンを効率的に得るためには、実施例にあげたようなキャッピング法〔Kato, S. et al., Gene 163:193-196 (1995)〕を用いることが望ましい。

【0012】

分泌シグナル配列を有するヒト蛋白質をコードするcDNAの第一次選別は、DNAライブラリーから任意に選択したcDNAクローンの部分塩基配列決定（塩基配列決定）により、シグナル配列の有無を確認することによって行なう。次いでシーケンシングによる全塩基配列の決定、インビトロ翻訳による蛋白質発現によって第二次選別行なう。本

発明の cDNA が、分泌シグナル配列を有する蛋白質をコードしていることの確認は、シグナル配列検出法 [Yokoyama-Kobayashi, M. et al., Gene 163:193-196 (1995)] を用いて行う。すなわち、ターゲット蛋白質の N 末端をコードする cDNA 断片を、ウロキナーゼのプロテアーゼドメインをコードする cDNA と融合させたのち、COS 細胞内で発現させ、ウロキナーゼ活性が細胞培養液中に検出された場合には、挿入した cDNA 断片がコードしている部分が、シグナル配列として機能していることを意味する。

【0013】

本発明の cDNA は、配列番号 10 から配列番号 18 で表される塩基配列あるいは配列番号 19 から配列番号 27 で表される塩基配列のいずれかを含むことを特徴とするものである。それぞれのクローン番号 (HP 番号)、cDNA クローンが得られた細胞、cDNA の全塩基数、コードしている蛋白質のアミノ酸残基数をそれぞれ表 1 にまとめて示した。

【0014】

【表 1】

表 1

| 配列番号 | HP 番号 | 細胞 | 塩基数 | アミノ酸 残基数 |
|---------|---------|---------|------|-------------|
| 1、10、19 | HP00658 | HT-1080 | 1296 | 154 |
| 2、11、20 | HP00714 | KB | 3311 | 315 |
| 3、12、21 | HP00876 | 胃癌 | 1152 | 158 |
| 4、13、22 | HP01134 | 肝臓 | 1749 | 376 |
| 5、14、23 | HP10029 | KB | 988 | 173 |
| 6、15、24 | HP10189 | KB | 390 | 93 |
| 7、16、25 | HP10269 | U937 | 4667 | 1172 |
| 8、17、26 | HP10298 | 胃癌 | 1086 | 122 |

9、18、27 HP10368 胃癌

866

175

【0015】

なお、配列番号19から配列番号27のいずれかに記載のcDNAの塩基配列に基づいて合成したオリゴヌクレオチドプローブを用いて、本発明で用いたヒト細胞株やヒト組織から作製したcDNAライブラリーをスクリーニングすることにより、本発明のcDNAと同一のクローンを容易に得ることができる。

【0016】

一般にヒト遺伝子は個体差による多型が頻繁に認められる。従って配列番号10から配列番号27において、1又は複数個のヌクレオチドの付加、欠失および／又は他のヌクレオチドによる置換がなされているcDNAも本発明の範疇にはいる。

【0017】

同様に、これらの変更によって生じる、1又は複数個のアミノ酸の付加、欠失および／又は他のアミノ酸による置換がなされている蛋白質も、配列番号1から配列番号9で表されるアミノ酸配列を有するそれぞれの蛋白質の活性を有する限り、本発明の範疇に入る。

【0018】

本発明のcDNAには、配列番号10から配列番号18で表される塩基配列あるいは配列番号19から配列番号27で表される塩基配列のいかなる部分塩基配列を含むcDNA断片(10bp以上)も含まれる。例えば、実施例に示した様に、分泌シグナル配列をコードする部分は、他の蛋白質をコードするcDNAと融合させることにより、任意の蛋白質を細胞外に分泌させるための手段として用いることができる。また、センス鎖およびアンチセンス鎖からなるDNA断片もこの範疇にはいる。これらのDNA断片は遺伝子診断用のプローブとして用いることができる。

【実施例】

次に実施例により発明を具体的に説明するが、本発明はこれらの例に限定され

るものではない。DNAの組換えに関する基本的な操作および酵素反応は、文献["Molecular Cloning. A Laboratory Manual", Cold Spring Harbor Laboratory, 1989]に従った。制限酵素および各種修飾酵素は特に記載の無い場合宝酒造社製のものを用了。各酵素反応の緩衝液組成、並びに反応条件は付属の説明書に従った。cDNA合成は文献[Kato, S. et al., Gene 150:243-250 (1994)]に従った。

【0020】

(1) ポリ(A)⁺RNAの調製

mRNAを抽出するためのヒト細胞として、繊維肉腫細胞株HT-1080 (ATCC CCL 121)、類表皮癌細胞株KB (ATCC CRL 17)、ホルボールエステルで刺激した組織球リンホーマ細胞株U937 (ATCC CRL 1593)、手術によって摘出された胃癌組織並びに肝臓を用了。それぞれの細胞株の培養は、常法に従って行った。

【0021】

ヒト細胞約1gを5.5Mグアニジウムチオシアネート溶液20ml中でホモジナイズした後、文献[Okayama, H. et al., "Methods in Enzymology" Vol. 164, Academic Press, 1987]に従い、総mRNAを調製した。これを20mMトリス塩酸緩衝液(pH7.6)、0.5M NaCl、1mM EDTAで洗浄したオリゴdTセルロースカラムにかけ、上掲文献に従いポリ(A)⁺RNAを得た。

【0022】

(2) cDNAライブラリーの作製

上記ポリ(A)⁺RNA 10μgを100mMトリス塩酸緩衝液(pH8)に溶解し、RNaseを含まないバクテリア由来アルカリホスファターゼ1単位を添加し、37℃1時間反応させた。反応液をフェノール抽出後、エタノール沈殿を行ない、ペレットを50mM 酢酸ナトリウム(pH6)、1mM EDTA、0.1%2-メルカプトエタノール、0.01%Triton X-100溶液に溶解した。これに、タバコ由来酸ピロホスファターゼ(エピセクターテクノ

ロジーズ社製) 1 単位を添加して、総量 $100\mu\text{l}$ で 37°C 1 時間反応させた。反応液をフェノール抽出後、エタノール沈殿を行ない、ペレットを水に溶解し、脱キャップ処理したポリ (A)⁺RNA 溶液を得た。

【0023】

脱キャップ処理したポリ (A)⁺RNA、DNA-RNA キメラオリゴヌクレオチド ($5' - \text{dG} - \text{dG} - \text{dG} - \text{dG} - \text{dA} - \text{dA} - \text{dT} - \text{dT} - \text{dC} - \text{dG} - \text{dA} - \text{G} - \text{G} - \text{A} - 3'$) 3nmol を 50mM トリス塩酸緩衝液 ($\text{pH} 7.5$)、 0.5mM ATP、 5mM MgCl_2 、 10mM 2-メルカプトエタノール、 25% ポリエチレングリコール水溶液に溶解し、T4 RNA リガーゼ 50 単位を添加し、総量 $30\mu\text{l}$ で 20°C 12 時間反応させた。反応液をフェノール抽出後、エタノール沈殿を行ない、ペレットを水に溶解し、キメラオリゴキャップ付加ポリ (A)⁺RNA を得た。

【0024】

本発明者らが開発したベクター pKA1 (特開平 4-117292 号公報) を Kpn I で消化後、末端転移酵素により約 60 個の dT テールを付加した。これを EcoRV 消化して片側の dT テールを除去したものをベクタープライマーとして用いた。

【0025】

先に調製したキメラオリゴキャップ付加ポリ (A)⁺RNA $6\mu\text{g}$ を、ベクタープライマー $1.2\mu\text{g}$ とアニールさせた後、 50mM トリス塩酸緩衝液 ($\text{pH} 8.3$)、 75mM KCl、 3mM MgCl_2 、 10mM ジチオスレイトール、 1.25mM dNTP ($\text{dATP} + \text{dCTP} + \text{dGTP} + \text{dTTP}$) 溶液に溶解し、逆転写酵素 (GIBCO-BRL 社製) 200 単位を添加し、総量 $20\mu\text{l}$ で 42°C 1 時間反応させた。反応液をフェノール抽出後、エタノール沈殿を行ない、ペレットを 50mM トリス塩酸緩衝液 ($\text{pH} 7.5$)、 100mM NaCl、 10mM MgCl_2 、 1mM ジチオスレイトール溶液に溶解した。

反応液をフェノール抽出後、エタノール沈殿を行ない、ペレットを 20mM トリス塩酸緩衝液 ($\text{pH} 7.5$)、 100mM KCl、 4mM MgCl_2 、 10

mM (NH₄)₂SO₄, 50 μg/ml 牛血清アルブミン溶液に溶解した。これに大腸菌DNAリガーゼ60単位を添加し、16℃16時間反応させた。反応液に2mM dNTP 2 μl、大腸菌DNAポリメラーゼI 4単位、大腸菌RNase H 0.1単位を添加し、12℃1時間ついで22℃1時間反応させた。

【0026】

次いでcDNA合成反応液を用いて大腸菌DH12S (GIBCO-BRL社製)の形質転換を行なった。形質転換はエレクトロポレーション法によって行なった。形質転換体の一部を100 μg/ml アンピシリン含有2xYT寒天培地上に蒔いて37℃一晚培養した。寒天上に生じた任意のコロニーを拾い100 μg/ml アンピシリン含有2xYT培地2mlに接種して37℃で一晚培養した。培養液を遠心して、菌体からアルカリリシス法によりプラスミドDNAを調製した。プラスミドDNAはEcoRIとNotIで二重消化した後、0.8%アガロースゲル電気泳動を行ないcDNAインサートの大きさを求めた。また、得られたプラスミドを鋳型にして、蛍光色素で標識したM13ユニバーサルプライマーとTaqポリメラーゼ(アプライドバイオシステムズ社製キット)を用いてシーケンス反応を行なった後、蛍光DNAシーケンサー(アプライドバイオシステムズ社)にかけてcDNAの5'末端約400bpの塩基配列を決定した。配列データはホモ・プロテインcDNAバンクデータベースとしてファイル化した。

【0027】

(3) 分泌シグナル配列を有する蛋白質をコードしているcDNAの選択

ホモ・プロテインcDNAバンクに登録された塩基配列を3フレームのアミノ酸配列に変換し、開始コドンから始まるオープンリーディングフレーム(ORF)の有無を調べた。次いでORFがコードしている部分のN末端に分泌蛋白質に特有なシグナル配列が認められるものを選択した。これらのクローンについては、エキソヌクレアーゼIIIによる欠失法を用いて、5'並びに3'両方向からシーケンシングを行い、全塩基配列の決定を行った。ORFがコードしている蛋白質について、Kyte-Doolittleの方法[Kyte, J & Doolittle, R. F., J. Mol. Biol. 157:105-132

(1982)] により、疎水性／親水性プロフィールを求め、疎水性領域の有無を調べた。コードしている蛋白質のアミノ酸配列中に膜貫通ドメインと思われる疎水的な領域がない場合には、この蛋白質は分泌蛋白質あるいは膜貫通ドメインを持たない膜蛋白質であると見なした。

【0028】

(4) 分泌シグナル検出ベクター pSSD3 の構築

SV40プロモーターとウロキナーゼのプロテアーゼドメイン cDNA を有する pSSD1 [Yokoyama-Kobayashi, M. et al., Gene 163:193-196 (1995)] 1 μ g を、BglII 5 単位と EcoRV 5 単位で消化した。ついで CIP 処理によって 5' 末端の脱リン酸化を行った後、アガロースゲル電気泳動によって約 4.2 kbp の DNA 断片をゲルから切り出し精製した。

【0029】

2 本のオリゴ DNA リンカー L1 (5' -GATCCCGGGTCACGTGGGAT-3') と L2 (5' -ATCCCAACGTGACCCGG-3') を合成し、T4 ポリヌクレオチドキナーゼによりリン酸化した。両者をアニールしたのち、先に調製した pSSD1 の切断片と T4 DNA リガーゼにより連結し、大腸菌 JM109 を形質転換した。形質転換体からプラスミド pSSD3 を調製し、リンカー挿入部分の塩基配列を決定することにより目的とする組換え体を確認した。得られたプラスミドの構造を図 1 に示す。本プラスミドベクターは、ポリクローニング部位に 3 種の平滑末端生成制限酵素部位、SmaI、PmaCI、EcoRV を有している。これらの切断部位は 7 bp の間隔で並んでいるので、この中のいずれかを選べば、挿入する cDNA 断片の 3 種のフレームと合わせて融合蛋白質を発現するベクターを構築できる。

【0030】

(5) 分泌シグナル配列の機能確認

分泌シグナル配列の機能確認は、まず、分泌シグナル配列の有無を確認し、分泌シグナル配列が分泌シグナル配列として機能することを、文献記載の方法 [Yokoyama-Kobayashi, M. et al., Gene 163:193-1

96 (1995)] によって確認した。まずターゲット cDNA を含んでいるプラスミドを、分泌シグナル配列をコードしていると考えられる部分の下流に存在する適当な制限酵素部位で切断した。もしこの制限酵素部位が 5' 突出末端である場合には、クレノウ処理によって平滑末端にした。さらに HindIII による消化を行い、SV40 プロモーターとその下流に分泌シグナル配列をコードしている cDNA を含む DNA 断片をアガロースゲル電気泳動によって単離した。この断片を、pSSD3 の HindIII と、ウロキナーゼのコーディングフレームと合うように選択した制限酵素部位の間に挿入し、ターゲット cDNA の分泌シグナル配列部分とウロキナーゼプロテアーゼドメインの融合蛋白質を発現するためのベクターを構築した (図2参照)。

【0031】

融合蛋白質発現ベクターを有する大腸菌 (宿主: JM109) を $100 \mu\text{g}/\text{ml}$ アンピシリン含有 2xYT 培地 2 ml 中で 37°C 2 時間培養した後、ヘルパーファージ M13KO7 ($50 \mu\text{l}$) を添加し、 37°C で一晩培養した。遠心によって分離した上澄からポリエチレングリコール沈殿によって一本鎖ファージ粒子を得た。これを $100 \mu\text{l}$ の 1 mM トリス-0.1 mM EDTA、pH 8 (TE) に懸濁した。また対照として、pSSD3、並びにウロキナーゼの完全長 cDNA を含むベクター pKA1-UPA [Yokoyama-Kobayashi, M. et al., Gene 163: 193-196 (1995)] から同様にして調製した一本鎖ファージ粒子懸濁液を用いた。

【0032】

サル腎臓由来培養細胞 COS7 は、10% ウシ胎児血清を含むダルベッコ改変イーグル (DMEM) 培地中、5% CO_2 存在下、 37°C で培養した。 1×10^5 個の COS7 細胞を 6 穴プレート (ヌンク社、穴の直径 3 cm) に植え、5% CO_2 存在下、 37°C で 22 時間培養した。培地除去後、リン酸緩衝液で細胞表面を洗浄し、さらに 50 mM トリス塩酸 (pH 7.5) を含む DMEM (TDMEM) で再度洗浄した。この細胞に一本鎖ファージ懸濁液 $1 \mu\text{l}$ 、DMEM 培地 0.6 ml、TRANSFECTAMTM (IBF 社) $3 \mu\text{l}$ を懸濁したものを添加し、5% CO_2 存在下、 37°C で 3 時間培養した。サンプル液を除去後、T

DMEMで細胞表面を洗浄し、10%ウシ胎児血清含有DMEMを1穴あたり2 ml 加え、5%CO₂存在下、37℃にて2日間培養した。

【0033】

2%ウシフィブリノーゲン（マイルス社）、0.5%アガロース、1 mM塩化カルシウムを含む50 mMリン酸緩衝液（pH 7.4）10 ml に10単位のプロトロンビン（持田製薬）を加え、直径9 cmのプレート中で固化させ、フィブリンプレートを調製した。トランスフェクションしたCOS7細胞の培養上清10 μl をフィブリンプレートに載せ、37℃15時間インキュベートした。得られた溶解円の直径をウロキナーゼ活性の指標とした。表2に、各クローンからcDNA断片を切り出すのに用いた制限酵素部位、pSSD3を切断するのに用いた制限酵素部位、溶解円の有無を示した。対照としてpSSD3を用いたもの以外は、いずれのサンプルも溶解円を形成し、ウロキナーゼが培地中に分泌されたことが確認された。すなわち、いずれのcDNA断片も分泌シグナル配列として機能するアミノ酸配列をコードしていることが示された。

【0034】

【表2】

表2

| HP 番号 | 制限酵素部位 | | 溶解円 |
|---------|-------------|-------|-----|
| | cDNA* | ベクター | |
| HP00658 | HindIII (K) | SmaI | + |
| HP00714 | PvuII | PmaCI | + |
| HP00876 | NcoI (K) | PmaCI | + |
| HP01134 | PmaCI | PmaCI | + |
| HP10269 | PvuII | PmaCI | + |
| HP10298 | HindIII (K) | PmaCI | + |

| | | | |
|----------|-------|-------|---|
| HP10368 | EcoRV | PmaCI | + |
| pKA1-UPA | | | + |
| pSSD3 | | | - |

* (K) は、制限酵素切断後、クレノウ処理をすることを意味する。

【0035】

(6) インビトロ翻訳による蛋白質合成

本発明のcDNAを有するプラスミドベクターを用いて、T_NTウサギ網状赤血球溶解物キット（プロメガ社製）によるインビトロ転写／翻訳を行なった。この際 [³⁵S] メチオニンを添加し、発現産物をラジオアイソトープでラベルした。いずれの反応もキットに付属のプロトコールに従って行なった。プラスミド2 μgを、T_NTウサギ網状赤血球溶解物12.5 μl、緩衝液（キットに付属）0.5 μl、アミノ酸混合液（Metを含まない）2 μl、[³⁵S] メチオニン（アマーシャム社）2 μl（0.37 MBq/μl）、T7 RNAポリメラーゼ0.5 μl、RNasin 20 Uを含む総量25 μlの反応液中で30℃で90分間反応させた。また、膜系存在下の実験は、この反応系に、イヌ臍臓ミクロソーム画分（プロメガ）2.5 μlを添加して行なった。反応液3 μlにSDSサンプリングバッファー（125 mMトリス塩酸緩衝液、pH 6.8、120 mM 2-メルカプトエタノール、2% SDS溶液、0.025% ブロモフェノールブルー、20% グリセロール）2 μlを加え、95℃ 3分間加熱処理した後、SDS-ポリアクリルアミドゲル電気泳動にかけた。オートラジオグラフィーを行ない、翻訳産物の分子量を求めた。表3に、各クローンから得られた膜ミクロソーム系の存在下／非存在下におけるインビトロ翻訳産物の分子量の大きさを、cDNAのORFがコードしている蛋白質の分子量の計算値と共に示した。

【0036】

【表3】

表3

| 配列 | HP 番号 | 計算値 (Da) | インビトロ翻訳産物 (kDa) |
|----|-------|----------|-----------------|
|----|-------|----------|-----------------|

| 番号 | | | 膜系無添加 | 膜系添加* |
|----|---------|----------|-------|-------|
| 1 | HP00658 | 17, 037 | 18 | 16 |
| 2 | HP00714 | 37, 106 | 47 | — |
| 3 | HP00876 | 18, 230 | 18 | — |
| 4 | HP01134 | 42, 947 | 42 | 49 |
| 5 | HP10029 | 18, 894 | 21 | 18 |
| 6 | HP10189 | 9, 113 | 12 | — |
| 7 | HP10269 | 129, 572 | 130 | — |
| 8 | HP10298 | 13, 161 | 16 | — |
| 9 | HP10368 | 19, 979 | 19 | 18 |

* —は未検討。

【0037】

(7) クローン例

<HP00658> (配列番号1、10、19)

ヒト繊維肉腫細胞株HT-1080 cDNAライブラリーから得られたクローンHP00658のcDNAインサートの全塩基配列を決定したところ、55bpの5' 非翻訳領域、465bpのORF、776bpの3' 非翻訳領域からなる構造を有していた。ORFは154アミノ酸残基からなる蛋白質をコードしており、N末端に分泌シグナル配列と思われる疎水性領域が存在した。図3にKyte-Doolittleの方法で求めた本蛋白質の疎水性/親水性プロフィールを示す。ORFがコードしているアミノ酸配列を用いてプロテインデータベースを検索したところ、N末端63アミノ酸残基はRANTES蛋白質 (EMBLアクセション番号M21121) と7番目の一アミノ酸残基 (RANTESではアラニン、本蛋白質ではアセチン) 以外は完全に一致したが、64番目以降は

質は、それより長い154アミノ酸残基からなっていた。インビトロ翻訳の結果、ORFから予想される分子量17, 037とほぼ一致する18kDaの翻訳産

物が生成した。この際、ミクロソームを添加すると、分泌シグナル配列部分が切断除去されたと考えられる16 kDaの産物が生成した。この結果は、pSSD 3の結果と合わせて、本蛋白質が分泌シグナル配列を有することを確認する。分泌シグナル配列切断部位予測法である(-3, -1)規則[von Heijne, G., Nucl. Acid Res. 14:4683-4690 (1986)]を適用すると、成熟蛋白質は24番目のセリンから始まると予想される。

【0038】

両者の塩基配列を比較すると、RANTES cDNAでは、本cDNAの242番目から325番目までの塩基配列が欠失していることがわかった。その結果、フレームシフトが起こり、サイズの異なるORFが生成したと考えられる。他の領域でもいくつか変異が認められ、241番目までは97.7%、325番目以降は98.0%の相同性であった。RANTESはT細胞特異的な蛋白質として得られたものであるが[Schall, T. J. et al., J. Immunol. 141:1018-1025 (1988)]、本cDNAは繊維肉腫細胞から得られた。したがって、本蛋白質はRANTESとは異なる機能を有していると考えられる。

【0039】

また、本cDNAの塩基配列を用いてGenBankを検索したが、ESTの中に、90%以上の相同性を有するものは見いだせなかった。

【0040】

<HP00714> (配列番号2, 11, 20)

ヒト類表皮癌細胞株KB cDNAライブラリーから得られたクローンHP00714のcDNAインサートの全塩基配列を決定したところ、56bpの5'非翻訳領域、948bpのORF、2310bpの3'非翻訳領域からなる構造を有していた。ORFは315アミノ酸残基からなる蛋白質をコードしており、N末端に分泌シグナル配列と思われる疎水性領域が存在した。図4にKyte-Doolittleの方法で求めた本蛋白質の疎水性/親水性プロフィールを示す。インビトロ翻訳の結果、ORFから予想される分子量37,106より大きい47 kDaの翻訳産物が生成した。本蛋白質と類似性を有するヒトレティキュロ

カルピンの場合にも、SDS-PAGE上の翻訳産物のバンドが予想される分子量よりも10kDa程度大きめにでるので[Ozawa, M., J. Biochem. 117:1113-1119 (1995)]、この差異はこの蛋白質の物理化学性質に起因するものと考えられる。分泌シグナル配列切断部位予測法である(-3, -1)規則を適用すると、成熟蛋白質は20番目のリジンから始まると予想される。本蛋白質は、C末端に小胞体局在化シグナルモチーフ配列であるKDELに類似した配列HDEFを有しているので、小胞体に存在している可能性がある。

【0041】

本蛋白質のアミノ酸配列を用いてプロテインデータベースを検索したところ、ヒトレティキュロカルビン(GenBankアクセション番号D42073)と類似性を有していた。表4に、本発明のヒト蛋白質(HP)とヒトレティキュロカルビン(RC)のアミノ酸配列の比較を示す。-はギャップを、*は本発明の蛋白質と同一アミノ酸残基を、. は本発明の蛋白質と類似アミノ酸残基をそれぞれ表す。両者は、60.5%の相同性を有していた。

【0042】

【表4】

表4

| | |
|----|---|
| HP | MDLRQFLMCLSLCTAFALSKPTEKKDR-VHHEPQLSDKVHNDASFDYDH |
| | .*. * * . .*** .*. * *.....*... ..*.*.*.*.* |
| RC | MARGGRGRLGLALGLLLALVLA PRVLRAKPTVRKERVVRPDSELGERPPEDNQSFQYDH |
| HP | DAFLGAEEAKTFDQLTPEESKERLGKIVSKIDGDKDGFVTVDLKD WIKFAQKRWIYEDV |
| | .***** *.*****.*****.***.* *****.***.*.* *****.*...* |
| RC | EAFLGKEDSKTFDQLTPDESKERLGKIVDRIDNDGDGFVTTEELKTWIKRVQKRYIFDNV |
| HP | ERQKCHDINEDCLVSEEVKATVGVVDDP DDDGCVVKOMMYRDERREKMAKV |
| RC | AKVWKDYDRDKDDKISWEEYKQATYGYLGNPAEFHDSSDHHTFKKMLPRDERRFKAADL |
| HP | DGDLIATKEEFTAFHLHPEEYDYMKDIVVQETMEDIDKNADGFIDLEEYIGDMYSHDGNTD |

.***.***.*****.....**.* **.******.***.* .***.***.***.*.
 RC NGDLTATREEFTAFLHPEEFHEMKEIVVLETLEDIDKNGDGFVDQDEYIADMFSHEENGP
 HP EPEWVKTEREQFVEFRDKNRDGKMDKEETKDWILPSDYDHAEAEARHLVYESDQNKDGKL
 .* **.**** **** *.***.***.*...***** *****.*****.***.* **
 RC EPDWVLSEREQFNEFRDLNKDGKLDKDEIRHWILPQDYDHAQAEARHLVYESDKNKDEKL
 HP TKEEIVDKYDLFVGSQATDFGEALVR-HDEF
 *****.....*****.***.*.. ***.
 RC TKEEILENWNMFVGSQATNYGEDLTKNHDEL

【0043】

また、本cDNAの塩基配列を用いてGenBankを検索したところ、ESTの中に、90%以上の相同性し、かつ開始コドンから含んでいるもの（例えば、アクセション番号F3872）が存在したが、この配列から本蛋白質を予想することはできない。

【0044】

レティキュロカルピンは、小胞体の膜表面に局在している蛋白質であり、小胞体内に分泌されてきた蛋白質のフォールディングなどに関与していると考えられている。したがって、本発明の蛋白質も、組換え蛋白質のフォールディングプロセスへの応用が考えられる。

【0045】

<HP00876>（配列番号3、12、21）

ヒト胃癌cDNAライブラリーから得られたクローンHP00876のcDNAインサートの全塩基配列を決定したところ、146bpの5'非翻訳領域、477bpのORF、529bpの3'非翻訳領域からなる構造を有していた。ORFは158アミノ酸残基からなる蛋白質をコードしており、N末端に分泌シグナル配列と思われる疎水性領域が存在した。図5にKyte-Doolittleの方法で求めた本蛋白質の疎水性／親水性プロフィールを示す。インビトロ翻訳の結果、ORFから予想される分子量18,230にほぼ一致する18kDaの翻訳産物が生成した。この際、ミクロソームを添加すると、分泌シグナル配列

部分が切断除去されたと考えられる16kDaの産物が生成した。この結果は、pSSD3の結果と合わせて、本蛋白質が分泌シグナルを有することを確認する。分泌シグナル配列切断部位予測法である(-3、-1)規則を適用すると、成熟蛋白質は18番目のグリシンか23番目のアスパラギン酸から始まると予想される。

【0046】

本蛋白質のアミノ酸配列を用いてプロテインデータベースを検索したところ、いくつかのC型レクチンと類似性を有していた。その一例として、表5に、本発明のヒト蛋白質(HP)とガラガラヘビC型レクチン(CL)(Swiss-PROTアクセション番号P21963)のアミノ酸配列の比較を示す。-はギャップを、*は本発明の蛋白質と同一アミノ酸残基を、.は本発明の蛋白質と類似アミノ酸残基をそれぞれ表す。両者は、35.3%の相同性を有していた。

【0047】

【表5】

表5

| | |
|----|--|
| HP | MASRSMRLLLLLSCLAKTGVLGDIIMRPSCAPGWFYHKSNCYGYFRKLRNWSDAELECQS |
| | .*. *. .. ** *..*..*..*..*..*..* |
| CL | NNCPLDWLPMNGLCYKIFNQLKTWEDAEMFCRK |
| HP | YGNGAHLASILSLKEASTIAEYISGYQRSQ-PIWIGLHDPQKRQQWQWIDGAMYLYRSWS |
| | * * ****. . *. *****.*...* ..****.* * *..*..* *..* |
| CL | YKPGCHLASFHRYGESLEIAEYISDYHKGQENVWIGLRDKKKDFSWEWTDRCSTDYLTWD |
| HP | GKSMGG--NKH-CAEMSSNNFLTWSNECNKRQHFLCKYRP |
| | . . **.*.* * ... *... *.... ****... |
| CL | KNQPDHYQNKEFCVELVSLTGYRLWNDQVCESKDAFLCQCKF |

また、本発明の塩基配列を用いてGenBankを検索したが、pSS1の中に、90%以上の相同性を有するものは見いだせなかった。

【0049】

プラスミド pHP00876 を $1\mu\text{g}$ を 20 単位の PvuII で消化した後、1% アガロースゲル電気泳動にかけ、約 700 bp の DNA 断片をゲルから切り出した。次いで pET-21a (Novagen 社) $1\mu\text{g}$ を、20 単位の NheI で消化した後クレノウ処理を行い、1% アガロースゲル電気泳動にかけ、5.4 kbp の DNA 断片をゲルから切り出した。ベクター断片と cDNA 断片をライゲーションキットにより連結後、大腸菌 BL21 (DE3) (Novagen 社) を形質転換した。形質転換体からプラスミド pET876 を調製し、制限酵素切断地図により目的とする組換え体を確認した。本発現ベクターは、クローン HP00876 がコードする蛋白質の第 29 番目のセリンから始まる蛋白質の前にメチオニン-アラニンが付加した蛋白質を発現する。

【0050】

pET876/BL21 (DE3) を $100\mu\text{g/ml}$ アンピシリン含有 LB 培地 5 ml に懸濁し、 37°C で振とう培養し、 A_{600} が約 0.5 になったときにイソプロピルチオガラクトシドを 1 mM になるように添加した。さらに 37°C で 6 時間培養後、遠心によって集菌し、菌体をアミロースカラム用カラム緩衝液 (10 mM トリス塩酸、pH 7.4、200 mM NaCl、1 mM EDTA) 25 ml に懸濁した。この溶液を超音波処理後、不溶画分を SDS-ポリアクリルアミド電気泳動にかけたところ、約 14 kDa の位置に本ベクターの発現に由来するバンドが認められた。

【0051】

レクチンは、糖鎖を認識して結合するので、糖鎖検出試薬や糖蛋白質精製用アフィニティー担体としての用途がある。また、細胞外に分泌されたレクチンは細胞間情報伝達においても重要な役割を果たしているため、医薬としての用途もある。

【0052】

<HP01134> (配列番号 4、13、22)

ヒト肝臓 cDNA ライブラリーから得られたクローン HP01134 の cDNA インサートの全塩基配列を決定したところ、116 bp の 5' 非翻訳領域、1

131bpのORF、502bpの3'非翻訳領域からなる構造を有していた。ORFは376アミノ酸残基からなる蛋白質をコードしており、N末端に分泌シグナル配列と思われる疎水性領域が存在した。図6にKyte-Doolittleの方法で求めた本蛋白質の疎水性／親水性プロフィールを示す。インビトロ翻訳の結果、ORFから予想される分子量42,947とほぼ一致する42kDaの翻訳産物が生成した。この際、ミクロソームを添加すると、分泌後N-グリコシレーションによって糖鎖が付加されたと考えられる49kDaの産物が生成した。なお、この蛋白質のアミノ酸配列の中には、N-グリコシレーションが起こる可能性がある部位が4箇所(91番目Asn-Gly-Thr、167番目Asn-Glu-Thr、263番目Asn-Thr-Ser、272番目Asn-Lys-Thr)存在する。以上の結果は、pSSD3の結果と合わせて、本蛋白質が分泌シグナルを有することを確認する。分泌シグナル配列切断部位予測法である(-3、-1)規則を適用すると、成熟蛋白質は17番目のアラニンか18番目のバリンから始まると予想される。

【0053】

本蛋白質のアミノ酸配列を用いてプロテインデータベースを検索したところ、いくつかのシステインプロテイナーゼと類似性を有していた。その一例として、表6に、本発明のヒト蛋白質(HP)とミカンシステインプロテイナーゼ(CP)(GenBankアクセション番号Z47793)のアミノ酸配列の比較を示す。-はギャップを、*は本発明の蛋白質と同一アミノ酸残基を、.は本発明の蛋白質と類似アミノ酸残基をそれぞれ表す。両者は、N末端側286アミノ酸残基の領域で49%の相同性を有していた。本蛋白質は、分泌された蛋白質のプロセッシングに関与していると考えられる。

【0054】

【表6】

表6

出

MYWVAVFELSVATGIGAVFDDPEDGGKH

* ** ** .. **..

[illegible]

【0055】

また、本 cDNA の塩基配列を用いて G e n B a n k を検索したところ、E S T の中に、90%以上の相同性を有するもの（例えば、アクセシオン番号 F 0 1 3 0 0）が存在したが、いずれも本 cDNA より短く、開始コドンから含んでいるものは見いだせなかった。

【 0 0 5 6 】

細胞外に分泌されるプロテアーゼは、各種生理機能を有しているので、医薬としての用途を有している。また、限定分解による蛋白質の構造解析など、研究用試薬としても用いられている。

【 0 0 5 7 】

<HP 10029> (配列番号 5、14、23)

ヒト類表皮癌細胞株K B c D N Aライブラリーから得られたクローンH P 1 0

029のcDNAインサートの全塩基配列を決定したところ、8bpの5'非翻訳領域、522bpのORF、458bpの3'非翻訳領域からなる構造を有していた。ORFは173アミノ酸残基からなる蛋白質をコードしており、N末端に分泌シグナル配列と思われる疎水性領域が存在した。図7にKyte-Doolittleの方法で求めた本蛋白質の疎水性/親水性プロフィールを示す。インビトロ翻訳の結果、ORFから予想される分子量18,894とほぼ一致する21kDaの翻訳産物が生成した。この際、ミクロソームを添加すると、分泌シグナル配列部分が切断除去されたと考えられる18kDaの産物が生成した。この結果は、pSSD3の結果と合わせて、本蛋白質が分泌シグナル配列を有することを確証する。分泌シグナル配列切断部位予測法である(-3,-1)規則を適用すると、成熟蛋白質は32番目のバリンから始まると予想される。本蛋白質は、C末端に小胞体局在化シグナルモチーフ配列であるKDELに類似した配列RTELを有しているので、小胞体に存在している可能性がある。

【0058】

本蛋白質のアミノ酸配列を用いてプロテインデータベースを検索したところ、相同性を有するものは見いだせなかった。ただし、塩基配列を用いてGenBankを検索したところ、ESTの中に、90%以上の相同性を有するもの（例えば、アクセション番号H87021）が存在したが、いずれも本cDNAより短く、開始コドンから含んでいるものは見いだせなかった。

【0059】

<HP10189> (配列番号6、15、24)

ヒト類表皮癌細胞株KBcDNAライブラリーから得られたクローンHP10189のcDNAインサートの全塩基配列を決定したところ、101bpの5'非翻訳領域、222bpのORF、67bpの3'非翻訳領域からなる構造を有していた。ORFは73アミノ酸残基からなる蛋白質をコードしており、N末端に分泌シグナル配列と思われる疎水性領域が存在した。図8にKyte-Doolittleの方法で求めた本蛋白質の疎水性/親水性プロフィールを示す。インビトロ翻訳の結果、ORFから予想される分子量9,115とほぼ一致する10kDaの翻訳産物が生成した。分泌シグナル配列切断部位予測法である(-3,-1)規則を適用すると、成熟蛋白質は32番目のバリンから始まると予想される。本蛋白質は、C末端に小胞体局在化シグナルモチーフ配列であるKDELに類似した配列RTELを有しているので、小胞体に存在している可能性がある。

図7 本蛋白質の疎水性/親水性プロフィール

インビトロ翻訳の結果、ORFから予想される分子量9,115とほぼ一致する10kDaの翻訳産物が生成した。分泌シグナル配列切断部位予測法である(-3,-1)規則を適用すると、成熟蛋白質は32番目のバリンから始まると予想される。本蛋白質は、C末端に小胞体局在化シグナルモチーフ配列であるKDELに類似した配列RTELを有しているので、小胞体に存在している可能性がある。

、-1) 規則を適用すると、成熟蛋白質は27番目のアラニンから始まると予想される。

【0060】

本蛋白質のアミノ酸配列を用いてプロテインデータベースを検索したところ、相同性を有するものは見いだせなかった。ただし、塩基配列を用いてGenBankを検索したところ、ESTの中に、本cDNAと90%以上の相同性を有し、開始コドンから含んでいるもの（例えば、アクセション番号N56270）が存在したが、フレームシフトが起こっており、本cDNAと同じORFは見いだせなかった。

【0061】

<HP10269> (配列番号7、16、25)

ヒトリンホーマ細胞株U937 cDNAライブラリーから得られたクローンHP10269のcDNAインサートの全塩基配列を決定したところ、753bpの5' 非翻訳領域、3519bpのORF、395bpの3' 非翻訳領域からなる構造を有していた。ORFは1172アミノ酸残基からなる蛋白質をコードしており、N末端に分泌シグナル配列と思われる疎水性領域が存在した。図9にKyte-Doolittleの方法で求めた本蛋白質の疎水性/親水性プロフィールを示す。インビトロ翻訳の結果、ORFから予想される分子量129, 571とほぼ一致する130kDaの翻訳産物が生成した。分泌シグナル配列切断部位予測法である(-3、-1) 規則を適用すると、成熟蛋白質は18番目のグルタミンから始まると予想される。

【0062】

本蛋白質のアミノ酸配列を用いてプロテインデータベースを検索したところ、ラミニンSのB3鎖と類似性を有していた。表7に、本発明のヒト蛋白質(HP)とヒトラミニンSのB3鎖(B3) (GenBankアクセション番号L25541) のアミノ酸配列の比較を示す。

【0063】

【表7】

表7

| アミノ酸残基番号 | HP | B3 |
|----------|-----|-----|
| 124 | Gln | Arg |
| 269 | Pro | 欠失 |
| 388 | Pro | Ala |
| 426 | Gln | Arg |
| 427 | Gly | Arg |
| 439 | Arg | 欠失 |
| 441 | Asp | Glu |
| 603 | Arg | Pro |
| 815 | Gly | Ala |

【0064】

本cDNAの塩基配列とデータベース記載の塩基配列を比較すると、本cDNAの方が5'末端が600bp以上長く、データベース記載の塩基配列の5'末端81bpは、本cDNAの塩基配列と全く一致しない。従って、両者は異なるmRNAに由来するものである。

【0065】

ラミニンは、細胞外マトリックスとして、細胞の増殖や分化に深く関わっている。したがって、細胞培養添加剤などとして用いられている。

【0066】

<HP10298> (配列番号8、17、26)

ヒト胃癌cDNAライブラリーから得られたクローンHP10298のcDNAインサートの全塩基配列を決定したところ、137bpの5'非翻訳領域、3'末端のORF(580bp)の5'非翻訳領域からなる構造を有している。

図10にKyte-Doolittleの方法で求めた本蛋白質の疎水性／親水性プロフィールを示す。インビトロ

翻訳の結果、ORFから予想される分子量13,161とほぼ一致する16kDaの翻訳産物が生成した。分泌シグナル配列切断部位予測法である(-3, -1)規則を適用すると、成熟蛋白質は18番目のロイシンから始まると予想される。本蛋白質は、C末端約20アミノ酸残基が疎水性であることから、この部分を介して膜に結合している可能性もある。

【0067】

本蛋白質のアミノ酸配列を用いてプロテインデータベースを検索したところ、相同性を有するものは見いだせなかった。ただし、塩基配列を用いてGenBankを検索したところ、ESTの中に、本cDNAと90%以上の相同性を有し、開始コドンから含んでいるもの（例えば、アクセション番号D78655）が存在したが、不明瞭な配列が多く、本cDNAと同じORFは見いだせなかった。

【0068】

<HP10368> (配列番号9, 18, 27)

ヒト胃癌cDNAライブラリーから得られたクローンHP10368のcDNAインサートの全塩基配列を決定したところ、72bpの5'非翻訳領域、528bpのORF、266bpの3'非翻訳領域からなる構造を有していた。ORFは175アミノ酸残基からなる蛋白質をコードしており、N末端に分泌シグナル配列と思われる疎水性領域が存在した。図11にKyte-Doolittleの方法で求めた本蛋白質の疎水性/親水性プロフィールを示す。インビトロ翻訳の結果、ORFから予想される分子量19,979とほぼ一致する20kDaの翻訳産物が生成した。この際、ミクロソームを添加すると、分泌シグナル配列部分が切断除去されたと考えられる19kDaの産物が生成した。この結果は、pSSD3の結果と合わせて、本蛋白質が分泌シグナルを有することを確認する。分泌シグナル配列切断部位予測法である(-3, -1)規則を適用すると、成熟蛋白質は19番目のロイシンか21番目のアルギニンから始まると予想される。本蛋白質は、C末端に小胞体局在化シグナルモチーフ配列であるKDELに類似した配列KTELを有しているので、小胞体に存在している可能性がある。

【0069】

本蛋白質のアミノ酸配列を用いてプロテインデータベースを検索したところ、相同性を有するものは見いだせなかった。ただし、塩基配列を用いてG e n B a n kを検索したところ、E S Tの中に、本c D N Aと90%以上の相同性を有し、開始コドンから含んでいるもの（例えば、アクセション番号T 8 6 6 6 3）が存在したが、不明瞭な配列が多く、本c D N Aと同じO R Fは見いだせなかった。

【0070】

【発明の効果】

本発明は分泌シグナル配列を有するヒト蛋白質、およびそれをコードしているc D N Aを提供する。本発明の蛋白質は、いずれも細胞外に分泌され、細胞外液中あるいは細胞膜表面に存在するので、細胞の増殖や分化を制御している蛋白質と考えられる。したがって、本発明の蛋白質は、医薬品として、あるいは該蛋白質に対する抗体を作製するための抗原として用いることができる。また、該D N Aを用いることにより、該蛋白質を大量に発現することができる。

【0071】

【配列表】

配列番号：1

配列の長さ：154

配列の型：アミノ酸

トポロジー：直鎖状

配列の種類：蛋白質

ハイボセティカル：No

起源：

生物名：ホモ=サピエンス

細胞の種類：繊維肉腫

セルライン：HT-1080

クローン名：HP00658

配列

| | | | | | | | | | | | | | | | |
|-----|-----|-----|-----|-----|-----|-----|-----|-----|-----|-----|-----|-----|-----|-----|-----|
| Met | Lys | Val | Ser | Ala | Ala | Ala | Leu | Ala | Val | Ile | Leu | Ile | Ala | Thr | Ala |
| 1 | | | | 5 | | | | | 10 | | | | | 15 | |
| Leu | Cys | Ala | Pro | Ala | Ser | Ala | Ser | Pro | Tyr | Ser | Ser | Asp | Thr | Thr | Pro |
| | | | 20 | | | | | 25 | | | | | 30 | | |
| Cys | Cys | Phe | Ala | Tyr | Ile | Ala | Arg | Pro | Leu | Pro | Arg | Ala | His | Ile | Lys |
| | | 35 | | | | | 40 | | | | | 45 | | | |
| Glu | Tyr | Phe | Tyr | Thr | Ser | Gly | Lys | Cys | Ser | Asn | Pro | Ala | Val | Val | His |
| | 50 | | | | | 55 | | | | | 60 | | | | |
| Arg | Ser | Arg | Met | Pro | Lys | Arg | Glu | Gly | Gln | Gln | Val | Trp | Gln | Asp | Phe |
| 65 | | | | | 70 | | | | | 75 | | | | 80 | |
| Leu | Tyr | Asp | Ser | Arg | Leu | Asn | Lys | Gly | Lys | Leu | Cys | His | Pro | Lys | Glu |
| | | | | 85 | | | | | 90 | | | | | 95 | |
| Pro | Pro | Ser | Val | Cys | Gln | Pro | Arg | Glu | Glu | Met | Gly | Ser | Gly | Val | His |
| | | | 100 | | | | | 105 | | | | | 110 | | |
| Gln | Leu | Phe | Gly | Asp | Glu | Leu | Gly | Trp | Arg | Val | Leu | Glu | Pro | Glu | Leu |
| | | 115 | | | | | 120 | | | | | 125 | | | |

特平 8-243060

Thr Gln Ile Cys Leu Phe Leu Leu Ala Leu Val Leu Ala Trp Glu Ala

130

135

140

Ser Pro His Tyr Pro Thr Pro Pro Ala Pro

145

150

【0072】

特平 8-243060

配列番号：2

配列の長さ：315

配列の型：アミノ酸

トポロジー：直鎖状

配列の種類：蛋白質

ハイボセティカル：No

起源：

生物名：ホモ＝サピエンス

細胞の種類：類表皮癌

セルライン：KB

クローン名：HP00714

配列

| | | | | | | | | | | | | | | | |
|-----|-----|-----|-----|-----|-----|-----|-----|-----|-----|-----|-----|-----|-----|-----|-----|
| Met | Asp | Leu | Arg | Gln | Phe | Leu | Met | Cys | Leu | Ser | Leu | Cys | Thr | Ala | Phe |
| 1 | | | | 5 | | | | | 10 | | | | | 15 | |
| Ala | Leu | Ser | Lys | Pro | Thr | Glu | Lys | Lys | Asp | Arg | Val | His | His | Glu | Pro |
| | | | | 20 | | | | | 25 | | | | | 30 | |
| Gln | Leu | Ser | Asp | Lys | Val | His | Asn | Asp | Ala | Gln | Ser | Phe | Asp | Tyr | Asp |
| | | | | 35 | | | | | 40 | | | | | 45 | |
| His | Asp | Ala | Phe | Leu | Gly | Ala | Glu | Glu | Ala | Lys | Thr | Phe | Asp | Gln | Leu |
| | | | | 50 | | | | | 55 | | | | | 60 | |
| Thr | Pro | Glu | Glu | Ser | Lys | Glu | Arg | Leu | Gly | Lys | Ile | Val | Ser | Lys | Ile |
| | | | | 65 | | | | | 70 | | | | | 75 | 80 |
| Asp | Gly | Asp | Lys | Asp | Gly | Phe | Val | Thr | Val | Asp | Glu | Leu | Lys | Asp | Trp |
| | | | | 85 | | | | | 90 | | | | | 95 | |
| Ile | Lys | Phe | Ala | Gln | Lys | Arg | Trp | Ile | Tyr | Glu | Asp | Val | Glu | Arg | Gln |
| | | | | 100 | | | | | 105 | | | | | 110 | |
| Trp | Lys | Gly | His | Asp | Leu | Asn | Glu | Asp | Gly | Leu | Val | Ser | Trp | Glu | Glu |
| | | | | 115 | | | | | 120 | | | | | 125 | |
| Tyr | Lys | Asn | Ala | Thr | Tyr | Gly | Tyr | Val | Leu | Asp | Asp | Pro | Asp | Pro | Asp |
| | | | | 130 | | | | | 135 | | | | | 140 | |
| Asp | Gly | Phe | Asp | Tyr | Lys | Gln | Met | Met | Val | Arg | Asp | Glu | Arg | Arg | Phe |
| | | | | | | | | | | | | | | | |
| Lys | Met | Ala | Asp | Lys | Asp | Gly | Asp | Leu | Ile | Ala | Thr | Lys | Glu | Glu | Phe |
| | | | | 165 | | | | | 170 | | | | | 175 | |

Thr Ala Phe Leu His Pro Glu Glu Tyr Asp Tyr Met Lys Asp Ile Val
 180 185 190

Val Gln Glu Thr Met Glu Asp Ile Asp Lys Asn Ala Asp Gly Phe Ile
 195 200 205

Asp Leu Glu Glu Tyr Ile Gly Asp Met Tyr Ser His Asp Gly Asn Thr
 210 215 220

Asp Glu Pro Glu Trp Val Lys Thr Glu Arg Glu Gln Phe Val Glu Phe
 225 230 235 240

Arg Asp Lys Asn Arg Asp Gly Lys Met Asp Lys Glu Glu Thr Lys Asp
 245 250 255

Trp Ile Leu Pro Ser Asp Tyr Asp His Ala Glu Ala Glu Ala Arg His
 260 265 270

Leu Val Tyr Glu Ser Asp Gln Asn Lys Asp Gly Lys Leu Thr Lys Glu
 275 280 285

Glu Ile Val Asp Lys Tyr Asp Leu Phe Val Gly Ser Gln Ala Thr Asp
 290 295 300

Phe Gly Glu Ala Leu Val Arg His Asp Glu Phe
 305 310 315

【0073】

配列番号 : 3

配列の長さ : 158

配列の型 : アミノ酸

トポロジー : 直鎖状

配列の種類 : 蛋白質

ハイボセティカル : No

起源 :

生物名 : ホモ=サピエンス

細胞の種類 : 胃癌

クローン名 : HP00876

配列

| | | | | | | | | | | | | | | |
|-----|-----|-----|-----|-----|-----|-----|-----|-----|-----|-----|-----|-----|-----|-----|
| Met | Ala | Ser | Arg | Ser | Met | Arg | Leu | Leu | Leu | Leu | Ser | Cys | Leu | Ala |
| 1 | | | | 5 | | | | 10 | | | | | 15 | |
| Lys | Thr | Gly | Val | Leu | Gly | Asp | Ile | Ile | Met | Arg | Pro | Ser | Cys | Ala |
| | | | | 20 | | | | 25 | | | | | 30 | |
| Gly | Trp | Phe | Tyr | His | Lys | Ser | Asn | Cys | Tyr | Gly | Tyr | Phe | Arg | Lys |
| | | | | 35 | | | | 40 | | | | | 45 | |
| Arg | Asn | Trp | Ser | Asp | Ala | Glu | Leu | Glu | Cys | Gln | Ser | Tyr | Gly | Asn |
| | | | | 50 | | | | 55 | | | | | 60 | |
| Ala | His | Leu | Ala | Ser | Ile | Leu | Ser | Leu | Lys | Glu | Ala | Ser | Thr | Ile |
| | | | | 65 | | | | 70 | | | | | 75 | |
| Glu | Tyr | Ile | Ser | Gly | Tyr | Gln | Arg | Ser | Gln | Pro | Ile | Trp | Ile | Gly |
| | | | | 85 | | | | 90 | | | | | 95 | |
| His | Asp | Pro | Gln | Lys | Arg | Gln | Gln | Trp | Gln | Trp | Ile | Asp | Gly | Ala |
| | | | | 100 | | | | 105 | | | | | 110 | |
| Tyr | Leu | Tyr | Arg | Ser | Trp | Ser | Gly | Lys | Ser | Met | Gly | Gly | Asp | Lys |
| | | | | | | | | | | | | | | |
| Lys | Ala | Glu | Met | Ser | Ser | Asn | Asn | Asn | Phe | Leu | Ihr | Trp | Ser | Ser |
| | | | | | | | | | | | | | | |
| | | | | 130 | | | | 135 | | | | | 140 | |

特平 8-243060

Glu Cys Asn Lys Arg Gln His Phe Leu Cys Lys Tyr Arg Pro

145

150

155

【0074】

配列番号：4

配列の長さ：376

配列の型：アミノ酸

トポロジー：直鎖状

配列の種類：蛋白質

ハイボセティカル：No

起源：

生物名：ホモ=サピエンス

細胞の種類：肝臓

クローン名：HP01134

配列

| | | | | | | | | | | | | | | | |
|-----|-----|-----|-----|-----|-----|-----|-----|-----|-----|-----|-----|-----|-----|-----|-----|
| Met | Val | Trp | Lys | Val | Ala | Val | Phe | Leu | Ser | Val | Ala | Leu | Gly | Ile | Gly |
| 1 | | | | 5 | | | | | 10 | | | | | 15 | |
| Ala | Val | Pro | Ile | Asp | Asp | Pro | Glu | Asp | Gly | Gly | Lys | His | Trp | Val | Val |
| | | | 20 | | | | | 25 | | | | | | 30 | |
| Ile | Val | Ala | Gly | Ser | Asn | Gly | Trp | Tyr | Asn | Tyr | Arg | His | Gln | Ala | Asp |
| | | | 35 | | | | | 40 | | | | | | 45 | |
| Ala | Cys | His | Ala | Tyr | Gln | Ile | Ile | His | Arg | Asn | Gly | Ile | Pro | Asp | Glu |
| | | | 50 | | | | | 55 | | | | | | 60 | |
| Gln | Ile | Val | Val | Met | Met | Tyr | Asp | Asp | Ile | Ala | Tyr | Ser | Glu | Asp | Asn |
| | | | 65 | | | | | 70 | | | | | | 75 | 80 |
| Pro | Thr | Pro | Gly | Ile | Val | Ile | Asn | Arg | Pro | Asn | Gly | Thr | Asp | Val | Tyr |
| | | | | | | | 85 | | | | | | | 90 | 95 |
| Gln | Gly | Val | Pro | Lys | Asp | Tyr | Thr | Gly | Glu | Asp | Val | Thr | Pro | Gln | Asn |
| | | | | | | | 100 | | | | | | | 105 | 110 |
| Phe | Leu | Ala | Val | Leu | Arg | Gly | Asp | Ala | Glu | Ala | Val | Lys | Gly | Ile | Gly |
| | | | | | | | | | | | | | | | |
| Ser | Gly | Lys | Val | Leu | Lys | Ser | Gly | Pro | Gln | Asp | His | Val | Phe | Ile | Tyr |
| | | | | | | | | | | | | | | | |
| | | | | | | | 130 | | | | | | | 135 | 140 |

| | | | |
|---|-----|-----|-----|
| Phe Thr Asp His Gly Ser Thr Gly Ile Leu Val Phe Pro Asn Glu Asp | | | |
| 145 | 150 | 155 | 160 |
| Leu His Val Lys Asp Leu Asn Glu Thr Ile His Tyr Met Tyr Lys His | | | |
| | 165 | 170 | 175 |
| Lys Met Tyr Arg Lys Met Val Phe Tyr Ile Glu Ala Cys Glu Ser Gly | | | |
| | 180 | 185 | 190 |
| Ser Met Met Asn His Leu Pro Asp Asn Ile Asn Val Tyr Ala Thr Thr | | | |
| | 195 | 200 | 205 |
| Ala Ala Asn Pro Arg Glu Ser Ser Tyr Ala Cys Tyr Tyr Asp Glu Lys | | | |
| | 210 | 215 | 220 |
| Arg Ser Thr Tyr Leu Gly Asp Trp Tyr Ser Val Asn Trp Met Glu Asp | | | |
| 225 | 230 | 235 | 240 |
| Ser Asp Val Glu Asp Leu Thr Lys Glu Thr Leu His Lys Gln Tyr His | | | |
| | 245 | 250 | 255 |
| Leu Val Lys Ser His Thr Asn Thr Ser His Val Met Gln Tyr Gly Asn | | | |
| | 260 | 265 | 270 |
| Lys Thr Ile Ser Thr Met Lys Val Met Gln Phe Gln Gly Met Lys Arg | | | |
| | 275 | 280 | 285 |
| Lys Ala Ser Ser Pro Val Pro Leu Pro Pro Val Thr His Leu Asp Leu | | | |
| | 290 | 295 | 300 |
| Thr Pro Ser Pro Asp Val Pro Leu Thr Ile Met Lys Arg Lys Leu Met | | | |
| 305 | 310 | 315 | 320 |
| Asn Thr Asn Asp Leu Glu Glu Ser Arg Gln Leu Thr Glu Glu Ile Gln | | | |
| | 325 | 330 | 335 |
| Arg His Leu Asp Tyr Glu Tyr Ala Leu Arg His Leu Tyr Val Leu Val | | | |
| | 340 | 345 | 350 |
| Asn Leu Cys Glu Lys Pro Tyr Pro Leu His Arg Ile Lys Leu Ser Met | | | |
| | 355 | 360 | 365 |
| Asp His Val Cys Leu Gly His Tyr | | | |

特平 8-243060

370

375

【0075】

配列番号 : 5

配列の長さ : 173

配列の型 : アミノ酸

トポロジー : 直鎖状

配列の種類 : 蛋白質

ハイボセティカル : No

起源 :

生物名 : ホモ=サピエンス

細胞の種類 : 類表皮癌

セルライン : KB

クローン名 : HP10029

配列

| | | | | | | | | | | | | | | | |
|-----|-----|-----|-----|-----|-----|-----|-----|-----|-----|-----|-----|-----|-----|-----|-----|
| Met | Ala | Ala | Pro | Ser | Gly | Gly | Trp | Asn | Gly | Val | Arg | Ala | Ser | Leu | Trp |
| 1 | | | | 5 | | | | | 10 | | | | | 15 | |
| Ala | Ala | Leu | Leu | Leu | Gly | Ala | Val | Ala | Leu | Arg | Pro | Ala | Glu | Ala | Val |
| | | | | 20 | | | | 25 | | | | | 30 | | |
| Ser | Glu | Pro | Thr | Thr | Val | Ala | Phe | Asp | Val | Arg | Pro | Gly | Gly | Val | Val |
| | | | | 35 | | | | 40 | | | | | 45 | | |
| His | Ser | Phe | Ser | His | Asn | Val | Gly | Pro | Gly | Asp | Lys | Tyr | Thr | Cys | Met |
| | | | | 50 | | | 55 | | | | 60 | | | | |
| Phe | Thr | Tyr | Ala | Ser | Gln | Gly | Gly | Thr | Asn | Glu | Gln | Trp | Gln | Met | Ser |
| | | | | 65 | | | 70 | | | | 75 | | | 80 | |
| Leu | Gly | Thr | Ser | Glu | Asp | His | Gln | His | Phe | Thr | Cys | Thr | Ile | Trp | Arg |
| | | | | 85 | | | | 90 | | | | | 95 | | |
| Pro | Gln | Gly | Lys | Ser | Tyr | Leu | Tyr | Phe | Thr | Gln | Phe | Lys | Ala | Glu | Val |
| | | | | 100 | | | | 105 | | | | | 110 | | |
| Arg | Gly | Ala | Glu | Ile | Glu | Tyr | Ala | Met | Ala | Tyr | Ser | Lys | Ala | Ala | Phe |
| | | | | 115 | | | | 120 | | | | | 125 | | |
| Glu | Arg | Glu | Ser | Asp | Val | Pro | Leu | Lys | Thr | Glu | Glu | Phe | Glu | Val | Thr |

特平 8-243060

| | | | |
|---|-----|-----|-----|
| 130 | 135 | 140 | |
| Lys Thr Ala Val Ala His Arg Pro Gly Ala Phe Lys Ala Glu Leu Ser | | | |
| 145 | 150 | 155 | 160 |
| Lys Leu Val Ile Val Ala Lys Ala Ser Arg Thr Glu Leu | | | |
| | 165 | 170 | |

【0076】

配列番号：6

配列の長さ：73

配列の型：アミノ酸

トポロジー：直鎖状

配列の種類：蛋白質

ハイポセティカル：No

起源：

生物名：ホモ=サピエンス

細胞の種類：類表皮癌

セルライン：KB

クローン名：HP10189

配列

Met Gly Val Lys Leu Glu Ile Phe Arg Met Ile Ile Tyr Leu Thr Phe

1 5 10 15

Pro Val Ala Met Phe Trp Val Ser Asn Gln Ala Glu Trp Phe Glu Asp

20 25 30

Asp Val Ile Gln Arg Lys Arg Glu Leu Trp Pro Pro Glu Lys Leu Gln

35 40 45

Glu Ile Glu Glu Phe Lys Glu Arg Leu Arg Lys Arg Arg Glu Glu Lys

50 55 60

Leu Leu Arg Asp Ala Gln Gln Asn Ser

65 70

【0077】

配列番号：7

配列の長さ：1172

配列の型：アミノ酸

トポロジー：直鎖状

配列の種類：蛋白質

ハイボセティカル：No

起源：

生物名：ホモ=サピエンス

細胞の種類：組織球リンホーマ

セルライン：U937

クローン名：HP10269

配列

| | | | | | | | | | | | | | | | |
|-----|-----|-----|-----|-----|-----|-----|-----|-----|-----|-----|-----|-----|-----|-----|-----|
| Met | Arg | Pro | Phe | Phe | Leu | Leu | Cys | Phe | Ala | Leu | Pro | Gly | Leu | Leu | His |
| 1 | | | | 5 | | | | | 10 | | | | | 15 | |
| Ala | Gln | Gln | Ala | Cys | Ser | Arg | Gly | Ala | Cys | Tyr | Pro | Pro | Val | Gly | Asp |
| | | | 20 | | | | | 25 | | | | | 30 | | |
| Leu | Leu | Val | Gly | Arg | Thr | Arg | Phe | Leu | Arg | Ala | Ser | Ser | Thr | Cys | Gly |
| | | | 35 | | | | | 40 | | | | | 45 | | |
| Leu | Thr | Lys | Pro | Glu | Thr | Tyr | Cys | Thr | Gln | Tyr | Gly | Glu | Trp | Gln | Met |
| | | 50 | | | | | 55 | | | | 60 | | | | |
| Lys | Cys | Cys | Lys | Cys | Asp | Ser | Arg | Gln | Pro | His | Asn | Tyr | Tyr | Ser | His |
| | | 65 | | | 70 | | | | 75 | | | | | 80 | |
| Arg | Val | Glu | Asn | Val | Ala | Ser | Ser | Ser | Gly | Pro | Met | Arg | Trp | Trp | Gln |
| | | | 85 | | | | | 90 | | | | | 95 | | |
| Ser | Gln | Asn | Asp | Val | Asn | Pro | Val | Ser | Leu | Gln | Leu | Asp | Leu | Asp | Arg |
| | | 100 | | | | | | 105 | | | | | 110 | | |
| | | | | | | | | | | | | | | | |
| | | | | | | | | | | | | | | | |
| Ala | Gly | Met | Leu | Ile | Glu | Arg | Ser | Ser | Asp | Phe | Gly | Lys | Thr | Trp | Arg |

| | | |
|---|-----|-----|
| 130 | 135 | 140 |
| Val Tyr Gln Tyr Leu Ala Ala Asp Cys Thr Ser Thr Phe Pro Arg Val | | |
| 145 | 150 | 155 |
| Arg Gln Gly Arg Pro Gln Ser Trp Gln Asp Val Arg Cys Gln Ser Leu | | |
| | 165 | 170 |
| Pro Gln Arg Pro Asn Ala Arg Leu Asn Gly Gly Lys Val Gln Leu Asn | | |
| | 180 | 185 |
| Leu Met Asp Leu Val Ser Gly Ile Pro Ala Thr Gln Ser Gln Lys Ile | | |
| | 195 | 200 |
| Gln Glu Val Gly Glu Ile Thr Asn Leu Arg Val Asn Phe Thr Arg Leu | | |
| | 210 | 215 |
| Ala Pro Val Pro Gln Arg Gly Tyr His Pro Pro Ser Ala Tyr Tyr Ala | | |
| 225 | 230 | 235 |
| Val Ser Gln Leu Arg Leu Gln Gly Ser Cys Phe Cys His Gly His Ala | | |
| | 245 | 250 |
| Asp Arg Cys Ala Pro Lys Pro Gly Ala Ser Ala Gly Pro Ser Thr Ala | | |
| | 260 | 265 |
| Val Gln Val His Asp Val Cys Val Cys Gln His Asn Thr Ala Gly Pro | | |
| | 275 | 280 |
| Asn Cys Glu Arg Cys Ala Pro Phe Tyr Asn Asn Arg Pro Trp Arg Pro | | |
| | 290 | 300 |
| Ala Glu Gly Gln Asp Ala His Glu Cys Gln Arg Cys Asp Cys Asn Gly | | |
| 305 | 310 | 315 |
| His Ser Glu Thr Cys His Phe Asp Pro Ala Val Phe Ala Ala Ser Gln | | |
| | 325 | 330 |
| Gly Ala Tyr Gly Gly Val Cys Asp Asn Cys Arg Asp His Thr Glu Gly | | |
| | 340 | 345 |
| Lys Asn Cys Glu Arg Cys Gln Leu His Tyr Phe Arg Asn Arg Arg Pro | | |
| | 355 | 360 |
| | | 365 |

Gly Ala Ser Ile Gln Glu Thr Cys Ile Ser Cys Glu Cys Asp Pro Asp

380

Gly Ala Val Pro Gly Ala Pro Cys Asp Pro Val Thr Gly Gln Cys Val

400

Cys Lys Glu His Val Gln Gly Glu Arg Cys Asp Leu Cys Lys Pro Gly

415

Phe Thr Gly Leu Thr Tyr Ala Asn Pro Gln Gly Cys His Arg Cys Asp

430

Cys Asn Ile Leu Gly Ser Arg Arg Asp Met Pro Cys Asp Glu Glu Ser

445

Gly Arg Cys Leu Cys Leu Pro Asn Val Val Gly Pro Lys Cys Asp Gln

460

Cys Ala Pro Tyr His Trp Lys Leu Ala Ser Gly Gln Gly Cys Glu Pro

480

Cys Ala Cys Asp Pro His Asn Ser Leu Ser Pro Gln Cys Asn Gln Phe

495

Thr Gly Gln Cys Pro Cys Arg Glu Gly Phe Gly Gly Leu Met Cys Ser

510

Ala Ala Ala Ile Arg Gln Cys Pro Asp Arg Thr Tyr Gly Asp Val Ala

525

Thr Gly Cys Arg Ala Cys Asp Cys Asp Phe Arg Gly Thr Glu Gly Pro

540

Gly Cys Asp Lys Ala Ser Gly Arg Cys Leu Cys Arg Pro Gly Leu Thr

560

Gly Pro Arg Cys Asp Gln Cys Gln Arg Gly Tyr Cys Asn Arg Tyr Pro

575

590

Arg Glu Gln Ala Leu Arg Phe Gly Arg Leu Arg Asn Ala Thr Ala Ser

| | | |
|---|-----|-----|
| 595 | 600 | 605 |
| Leu Trp Ser Gly Pro Gly Leu Glu Asp Arg Gly Leu Ala Ser Arg Ile | | |
| 610 | 615 | 620 |
| Leu Asp Ala Lys Ser Lys Ile Glu Gln Ile Arg Ala Val Leu Ser Ser | | |
| 625 | 630 | 635 |
| Pro Ala Val Thr Glu Gln Glu Val Ala Gln Val Ala Ser Ala Ile Leu | | |
| 645 | 650 | 655 |
| Ser Leu Arg Arg Thr Leu Gln Gly Leu Gln Leu Asp Leu Pro Leu Glu | | |
| 660 | 665 | 670 |
| Glu Glu Thr Leu Ser Leu Pro Arg Asp Leu Glu Ser Leu Asp Arg Ser | | |
| 675 | 680 | 685 |
| Phe Asn Gly Leu Leu Thr Met Tyr Gln Arg Lys Arg Glu Gln Phe Glu | | |
| 690 | 695 | 700 |
| Lys Ile Ser Ser Ala Asp Pro Ser Gly Ala Phe Arg Met Leu Ser Thr | | |
| 705 | 710 | 715 |
| Ala Tyr Glu Gln Ser Ala Gln Ala Ala Gln Gln Val Ser Asp Ser Ser | | |
| 725 | 730 | 735 |
| Arg Leu Leu Asp Gln Leu Arg Asp Ser Arg Arg Glu Ala Glu Arg Leu | | |
| 740 | 745 | 750 |
| Val Arg Gln Ala Gly Gly Gly Gly Gly Thr Gly Ser Pro Lys Leu Val | | |
| 755 | 760 | 765 |
| Ala Leu Arg Leu Glu Met Ser Ser Leu Pro Asp Leu Thr Pro Thr Phe | | |
| 770 | 775 | 780 |
| Asn Lys Leu Cys Gly Asn Ser Arg Gln Met Ala Cys Thr Pro Ile Ser | | |
| 785 | 790 | 795 |
| Cys Pro Gly Glu Leu Cys Pro Gln Asp Asn Gly Thr Ala Cys Gly Ser | | |
| 805 | 810 | 815 |
| Arg Cys Arg Gly Val Leu Pro Arg Ala Gly Gly Ala Phe Leu Met Ala | | |
| 820 | 825 | 830 |

Gly Gln Val Ala Glu Gln Leu Arg Gly Phe Asn Ala Gln Leu Gln Arg

835

840

845

Thr Arg Gln Met Ile Arg Ala Ala Glu Glu Ser Ala Ser Gln Ile Gln

850

855

860

Ser Ser Ala Gln Arg Leu Glu Thr Gln Val Ser Ala Ser Arg Ser Gln

865

870

875

880

Met Glu Glu Asp Val Arg Arg Thr Arg Leu Leu Ile Gln Gln Val Arg

885

890

895

Asp Phe Leu Thr Asp Pro Asp Thr Asp Ala Ala Thr Ile Gln Glu Val

900

905

910

Ser Glu Ala Val Leu Ala Leu Trp Leu Pro Thr Asp Ser Ala Thr Val

915

920

925

Leu Gln Lys Met Asn Glu Ile Gln Ala Ile Ala Ala Arg Leu Pro Asn

930

935

940

Val Asp Leu Val Leu Ser Gln Thr Lys Gln Asp Ile Ala Arg Ala Arg

945

950

955

960

Arg Leu Gln Ala Glu Ala Glu Glu Ala Arg Ser Arg Ala His Ala Val

965

970

975

Glu Gly Gln Val Glu Asp Val Val Gly Asn Leu Arg Gln Gly Thr Val

980

985

990

Ala Leu Gln Glu Ala Gln Asp Thr Met Gln Gly Thr Ser Arg Ser Leu

995

1000

1005

Arg Leu Ile Gln Asp Arg Val Ala Glu Val Gln Gln Val Leu Arg Pro

1010

1015

1020

Ala Glu Lys Leu Val Thr Ser Met Thr Lys Gln Leu Gly Asp Phe Trp

1025

1030

1035

1040

1045

1050

1055

Ala Val Gln Ala Gln Gln Leu Ala Glu Gly Ala Ser Glu Gln Ala Leu

| | | | |
|---|------|------|------|
| 1060 | 1065 | 1070 | |
| Ser Ala Gln Glu Gly Phe Glu Arg Ile Lys Gln Lys Tyr Ala Glu Leu | | | |
| 1075 | 1080 | 1085 | |
| Lys Asp Arg Leu Gly Gln Ser Ser Met Leu Gly Glu Gln Gly Ala Arg | | | |
| 1090 | 1095 | 1100 | |
| Ile Gln Ser Val Lys Thr Glu Ala Glu Glu Leu Phe Gly Glu Thr Met | | | |
| 1105 | 1110 | 1115 | 1120 |
| Glu Met Met Asp Arg Met Lys Asp Met Glu Leu Glu Leu Leu Arg Gly | | | |
| 1125 | 1130 | 1135 | |
| Ser Gln Ala Ile Met Leu Arg Ser Ala Asp Leu Thr Gly Leu Glu Lys | | | |
| 1140 | 1145 | 1150 | |
| Arg Val Glu Gln Ile Arg Asp His Ile Asn Gly Arg Val Leu Tyr Tyr | | | |
| 1155 | 1160 | 1165 | |
| Ala Thr Cys Lys | | | |
| 1170 | | | |
| 【0078】 | | | |

配列番号 : 8

配列の長さ : 122

配列の型 : アミノ酸

トポロジー : 直鎖状

配列の種類 : 蛋白質

ハイポセティカル : No

起源 :

生物名 : ホモ=サピエンス

細胞の種類 : 胃癌

クローン名 : HP10298

配列

| | | | | | | | | | | | | | | | |
|-----|-----|-----|-----|-----|-----|-----|-----|-----|-----|-----|-----|-----|-----|-----|-----|
| Met | Gly | Leu | Leu | Leu | Leu | Val | Pro | Leu | Leu | Leu | Leu | Pro | Gly | Ser | Tyr |
| 1 | | | | 5 | | | | | 10 | | | | | 15 | |
| Gly | Leu | Pro | Phe | Tyr | Asn | Gly | Phe | Tyr | Tyr | Ser | Asn | Ser | Ala | Asn | Asp |
| | | | | 20 | | | | | 25 | | | | | 30 | |
| Gln | Asn | Leu | Gly | Asn | Gly | His | Gly | Lys | Asp | Leu | Leu | Asn | Gly | Val | Lys |
| | | | | 35 | | | | 40 | | | | | | 45 | |
| Leu | Val | Val | Glu | Thr | Pro | Glu | Glu | Thr | Leu | Phe | Thr | Arg | Ile | Leu | Thr |
| | | | | 50 | | | | 55 | | | | | 60 | | |
| Val | Gly | Pro | Gln | Ser | Leu | Gly | Ser | Glu | Ala | Leu | Ala | Ser | Pro | Thr | Arg |
| | | | | 65 | | | | 70 | | | | | 75 | | 80 |
| Arg | Ala | Ala | Cys | Thr | Val | Phe | Thr | Ala | Thr | Ala | Ser | Thr | Arg | Thr | Trp |
| | | | | 85 | | | | | 90 | | | | | 95 | |
| Gly | Pro | Pro | Leu | Pro | His | Ser | Leu | Thr | Gly | Cys | Val | Phe | Ile | Glu | Trp |
| | | | | 100 | | | | | 105 | | | | | 110 | |
| Phe | Val | Phe | Pro | Cys | Gly | Leu | Glu | Pro | Phe | | | | | | |

[over]

配列番号：9

配列の長さ：175

配列の型：アミノ酸

トポロジー：直鎖状

配列の種類：蛋白質

ハイポセティカル：No

起源：

生物名：ホモ=サピエンス

細胞の種類：胃癌

クローン名：HP10368

配列

| | | | | | | | | | | | | | | | |
|-----|-----|-----|-----|-----|-----|-----|-----|-----|-----|-----|-----|-----|-----|-----|-----|
| Met | Glu | Lys | Ile | Pro | Val | Ser | Ala | Phe | Leu | Leu | Leu | Val | Ala | Leu | Ser |
| 1 | | | | 5 | | | | | 10 | | | | | 15 | |
| Tyr | Thr | Leu | Ala | Arg | Asp | Thr | Thr | Val | Lys | Pro | Gly | Ala | Lys | Lys | Asp |
| | | | | 20 | | | | 25 | | | | | 30 | | |
| Thr | Lys | Asp | Ser | Arg | Pro | Lys | Leu | Pro | Gln | Thr | Leu | Ser | Arg | Gly | Trp |
| | | | 35 | | | | 40 | | | | 45 | | | | |
| Gly | Asp | Gln | Leu | Ile | Trp | Thr | Gln | Thr | Tyr | Glu | Glu | Ala | Leu | Tyr | Lys |
| | 50 | | | | | 55 | | | | 60 | | | | | |
| Ser | Lys | Thr | Ser | Asn | Lys | Pro | Leu | Met | Ile | Ile | His | His | Leu | Asp | Glu |
| 65 | | | | 70 | | | | | 75 | | | | 80 | | |
| Cys | Pro | His | Ser | Gln | Ala | Leu | Lys | Lys | Val | Phe | Ala | Glu | Asn | Lys | Glu |
| | | | | 85 | | | | | 90 | | | | 95 | | |
| Ile | Gln | Lys | Leu | Ala | Glu | Gln | Phe | Val | Leu | Leu | Asn | Leu | Val | Tyr | Glu |
| | | | 100 | | | | | 105 | | | | | 110 | | |
| Thr | Thr | Asp | Lys | His | Leu | Ser | Pro | Asp | Gly | Gln | Tyr | Val | Pro | Arg | Ile |
| | | | 115 | | | | | 120 | | | | | 125 | | |
| Met | Phe | Val | Asp | Pro | Ser | Leu | Thr | Val | Arg | Ala | Asp | Ile | Thr | Gly | Arg |
| | | | 130 | | | | 135 | | | | | | 140 | | |

特平 8-243060

Tyr Ser Asn Arg Leu Tyr Ala Tyr Glu Pro Ala Asp Thr Ala Leu Leu

145

150

155

160

Leu Asp Asn Met Lys Lys Ala Leu Lys Leu Leu Lys Thr Glu Leu

165

170

175

【0080】

配列番号 : 10

配列の長さ : 462

配列の型 : 核酸

鎖の数 : 二本鎖

トポロジー : 直鎖状

配列の種類 : cDNA to mRNA

起源 :

生物名 : ホモ=サピエンス

細胞の種類 : 繊維肉腫

セルライン : HT-1080

クローン名 : HP00658

配列

| | |
|---|-----|
| ATGAAGGTCT CCGCGGCAGC CCTCGCTGTC ATCCTCATTG CTACTGCCCT CTGCGCTCCT | 60 |
| GCATCTGCCT CCCCATATTC CTCGGACACC ACACCCTGCT GCTTTGCCTA CATTGCCCCG | 120 |
| CCACTGCCCC GTGCCCACAT CAAGGAGTAT TTCTACACCA GTGGCAAGTG CTCCAACCCA | 180 |
| GCAGTCGTCC ACAGGTCAAG GATGCCAAAG AGAGAGGGAC AGCAAGTCTG GCAGGATTTC | 240 |
| CTGTATGACT CCCGGCTGAA CAAGGGCAAG CTTTGTCAAC CGAAAGAACC GCCAAGTG | 300 |
| TGCCAACCCA GAGAAGAAAT GGGTTCGGGA GTACATCAAC TCTTTGGAGA TGAGCTAGGA | 360 |
| TGGAGAGTCC TTGAACCTGA ACTTACACAA ATTTGCCTGT TTCTGCTTGC TCTTGTCCTA | 420 |
| GCTTGGGAGG CTTCCCCTCA CTATCCTACC CCACCCGCTC CT | 462 |

【0081】

配列番号 : 1 1

配列の長さ : 9 4 5

配列の型 : 核酸

鎖の数 : 二本鎖

トポロジー : 直鎖状

配列の種類 : cDNA to mRNA

起源 :

生物名 : ホモ=サピエンス

細胞の種類 : 類表皮癌

セルライン : KB

クローン名 : HP00714

配列

| | |
|--|-----|
| ATGGACCTGC GACAGTTTCT TATGTGCCTG TCCCTGTGCA CAGCCTTTGC CTTGAGCAAA | 60 |
| CCCACAGAAA AGAAGGACCG TGTACATCAT GAGCCTCAGC TCAGTGACAA GGTTCACAAT | 120 |
| GATGCTCAGA GTTTTGATTA TGACCATGAT GCCTTCTTGG GTGCTGAAGA AGCAAAGACC | 180 |
| TTTGATCAGC TGACACCAGA AGAGAGCAAG GAAAGGCTTG GAAAGATTGT AAGTAAAATA | 240 |
| GATGGCGACA AGGACGGGTT TGTCACCTGTG GATGAGCTCA AAGACTGGAT TAAATTTGCA | 300 |
| CAAAAGCGCT GGATTTACGA GGATGTAGAG CGACAGTGGA AGGGGCATGA CCTCAATGAG | 360 |
| GACGGCCTCG TTTCTGGGA GGAGTATAAA AATGCCACCT ACGGCTACGT TTAGATGAT | 420 |
| CCAGATCCTG ATGATGGATT TAACTATAAA CAGATGATGG TTAGAGATGA GCGGAGGTTT | 480 |
| AAAATGGCAG ACAAGGATGG AGACCTCATT GCCACCAAGG AGGAGTTCAC AGCTTTCCTG | 540 |
| CACCCTGAGG AGTATGACTA CATGAAAGAT ATAGTAGTAC AGGAAACAAT GGAAGATATA | 600 |
| GATAAGAATG CTGATGGTTT CATTGATCTA GAAGAGTATA TTGGTGACAT GTACAGCCAT | 660 |
| GATGGGAATA CTGATGAGCC AGAATGGGTA AAGACAGAGC GAGAGCAGTT TGTTGAGTTT | 720 |
| CGGGATAAGA ACCGTGATGG GAAGATGGAC AAGGAAGAGA CCAAAGACTG GATCCTTCCC | 780 |
| TCAGACTATC ATCATCCAGA CCCAGAAAGC AGGCACCTGC TCTATCAATC AGACCAAAAC | 840 |
| CAGGCCACAG AATTGGGGA GGCCTTAGTA CGGCAIGATG AGTTG | 945 |

【0082】

配列番号 : 1 2

配列の長さ : 4 7 4

配列の型 : 核酸

鎖の数 : 二本鎖

トポロジー : 直鎖状

配列の種類 : c D N A t o m R N A

起源 :

生物名 : ホモ=サピエンス

細胞の種類 : 胃癌

クローン名 : H P 0 0 8 7 6

配列

| | |
|---|-----|
| ATGGCTTCCA GAAGCATGCG GCTGCTCCTA TTGCTGAGCT GCCTGGCCAA AACAGGAGTC | 60 |
| CTGGGTGATA TCATCATGAG ACCCAGCTGT GCTCCTGGAT GGTTTTACCA CAAGTCCAAT | 120 |
| TGCTATGGTT ACTTCAGGAA GCTGAGGAAC TGGTCTGATG CCGAGCTCGA GTGTCAGTCT | 180 |
| TACGGAAACG GAGCCCACCT GGCATCTATC CTGAGTTTAA AGGAAGCCAG CACCATAGCA | 240 |
| GAGTACATAA GTGGCTATCA GAGAAGCCAG CCGATATGGA TTGGCCTGCA CGACCCACAG | 300 |
| AAGAGGCAGC AGTGGCAGTG GATTGATGGG GCCATGTATC TGTACAGATC CTGGTCTGGC | 360 |
| AAGTCCATGG GTGGGAACAA GCACTGTGCT GAGATGAGCT CCAATAACAA CTTTTTAACT | 420 |
| TGGAGCAGCA ACGAATGCAA CAAGCGCCAA CACTTCCTGT GCAAGTACCG ACCA | 474 |

【 0 0 8 3 】

特平 8-243060

配列番号：13

配列の長さ：1128

配列の型：核酸

鎖の数：二本鎖

トポロジー：直鎖状

配列の種類：cDNA to mRNA

起源：

生物名：ホモ=サピエンス

細胞の種類：肝臓

クローン名：HP01134

配列

| | |
|---|------|
| ATGGTTTGGG AAGTAGCTGT ATTCCTCAGT GTGGCCCTGG GCATTGGTGC CGTTCCTATA | 60 |
| GATGATCCTG AAGATGGAGG CAAGCACTGG GTGGTGATCG TGGCAGGTTC AAATGGCTGG | 120 |
| TATAATTATA GGCACCAGGC AGACGCGTGC CATGCCTACC AGATCATTCA CCGCAATGGG | 180 |
| ATTCCTGACG AACAGATCGT TGTGATGATG TACGATGACA TTGCTTACTC TGAAGACAAT | 240 |
| CCCACTCCAG GAATTGTGAT CAACAGGCC AATGGCACAG ATGTCTATCA GGGAGTCCCG | 300 |
| AAGGACTACA CTGGAGAGGA TGTTACCCCA CAAAATTTCC TTGCTGTGTT GAGAGGCGAT | 360 |
| GCAGAAGCAG TGAAGGGCAT AGGATCCGGC AAAGTCCTGA AGAGTGGCCC CCAGGATCAC | 420 |
| GTGTTTCAATTT ACTTCACTGA CCATGGATCT ACTGGAATAC TGGTTTTTCC CAATGAAGAT | 480 |
| CTTCATGTAA AGGACCTGAA TGAGACCATC CATTACATGT ACAAACACAA AATGTACCGA | 540 |
| AAGATGGTGT TCTACATTGA AGCCTGTGAG TCTGGGTCCA TGATGAACCA CCTGCCGGAT | 600 |
| AACATCAATG TTTATGCAAC TACTGCTGCC AACCCCAGAG AGTCGTCCTA CGCCTGTTAC | 660 |
| TATGATGAGA AGAGGTCCAC GTACCTGGGG GACTGGTACA GCGTCAACTG GATGGAAGAC | 720 |
| TCGGACGTGG AAGATCTGAC TAAAGAGACC CTGCACAAGC AGTACCACCT GGTAATAATCG | 780 |
| CACACCAACA CCAGCCACGT CATGCAGTAT GGAAACAAAA CAATCTCCAC CATGAAAGTG | 840 |
| ATGCAGTTTC AGGGTATGAA ACGCAAAGCC AGTTCTCCCG TCCCCCTACC TCCAGTCACA | 900 |
| CACCTTGACC TCACCCCCAG CCCTGATGTG CCTCTCACCA TCATGAAAAG GAAACTGATG | 960 |
| AACACCAATG ATCTGGAGGA GTCCAGGCAG CTCACGGAGG AGATCCAGCG GCATCTGGAT | 1020 |
| TACGAGTATG CGTTGAGACA TTTGTACGTG CTGGTCAACC TTTGTGAGAA GCCGTATCCG | 1080 |
| CTTCACAGGA TAAAATTGTC CATGGACCAC GTGTGCCTTG GTCACCTAC | 1128 |

【0084】

配列番号：14

配列の長さ：519

配列の型：核酸

鎖の数：二本鎖

トポロジー：直鎖状

配列の種類：cDNA to mRNA

起源：

生物名：ホモ=サピエンス

細胞の種類：類表皮癌

セルライン：KB

クローン名：HP10029

配列

| | |
|---|-----|
| ATGGCGGCGC CCAGCGGAGG GTGGAACGGC GTCCGCGCGA GCTTGTGGGC CGCGCTGCTC | 60 |
| CTAGGGGCCG TGGCGCTGAG GCCGGCGGAG GCGGTGTCCG AGCCCACGAC CGTGGCGTTT | 120 |
| GACGTGCGGC CCGGCGGCGT CGTGCAATTCC TTCTCCATA ACGTGGGCCC GGGGGACAAA | 180 |
| TATACGTGTA TGTTCACTTA CGCCTCTCAA GGAGGGACCA ATGAGCAATG GCAGATGAGT | 240 |
| CTGGGGACCA GCGAAGACCA CCAGCACTTC ACCTGCACCA TCTGGAGGCC CCAGGGGAAG | 300 |
| TCCTATCTGT ACTTCACACA GTTCAAGGCA GAGGTGCGGG GCGCTGAGAT TGAGTACGCC | 360 |
| ATGGCCTACT CTAAAGCCGC ATTTGAAAGG GAAAGTGATG TCCCTCTGAA AACTGAGGAA | 420 |
| TTTGAAGTGA CCAAAACAGC AGTGGCTCAC AGGCCCGGGG CATTCAAAGC TGAGCTGTCC | 480 |
| AAGCTGGTGA TTGTGGCCAA GGCATCGCGC ACTGAGCTG | 519 |

【0085】

配列番号：15

配列の長さ：219

配列の型：核酸

鎖の数：二本鎖

トポロジー：直鎖状

配列の種類：cDNA to mRNA

起源：

生物名：ホモ=サピエンス

細胞の種類：類表皮癌

セルライン：KB

クローン名：HP10189

配列

| | |
|---|-----|
| ATGGGGGTGA AGCTGGAGAT ATTTCCGATG ATAATCTACC TCACTTTCCC TGTGGCTATG | 60 |
| TTCTGGGTTT CCAATCAGGC CGAGTGGTTT GAGGACGATG TCATACAGCG CAAGAGGGAG | 120 |
| CTGTGGCCAC CTGAGAAGCT TCAAGAGATA GAGGAATTCA AAGAGAGGTT ACGGAAGCGG | 180 |
| CGGGAGGAGA AGCTCCTTCG CGACGCCCAG CAGAACTCC | 219 |

【0086】

配列番号：16

配列の長さ：3516

配列の型：核酸

鎖の数：二本鎖

トポロジー：直鎖状

配列の種類：cDNA to mRNA

起源：

生物名：ホモ=サピエンス

細胞の種類：リンホーマ

セルライン：U937

クローン名：HP10269

配列

| | |
|---|------|
| ATGAGACCAT TCTTCCTCTT GTGTTTTGCC CTGCCTGGCC TCCTGCATGC CCAACAAGCC | 60 |
| TGCTCCCGTG GGGCCTGCTA TCCACCTGTT GGGGACCTGC TTGTTGGGAG GACCCGGTTT | 120 |
| CTCCGAGCTT CATCTACCTG TGGACTGACC AAGCCTGAGA CCTACTGCAC CCAGTATGGC | 180 |
| GAGTGGCAGA TGAAATGCTG CAAGTGTGAC TCCAGGCAGC CTCACAATA CTACAGTCAC | 240 |
| CGAGTAGAGA ATGTGGCTTC ATCCTCCGGC CCCATGCGCT GGTGGCAGTC CCAGAATGAT | 300 |
| GTGAACCCTG TCTCTCTGCA GCTGGACCTG GACAGGAGAT TCCAGCTTCA AGAAGTCATG | 360 |
| ATGGAGTTCC AGGGGCCCAT GCCTGCCGGC ATGCTGATTG AGCGCTCCTC AGACTTCGGT | 420 |
| AAGACCTGGC GAGTGTACCA GTACCTGGCT GCCGACTGCA CCTCCACCTT CCCTCGGGTC | 480 |
| CGCCAGGGTC GGCCTCAGAG CTGGCAGGAT GTTCGGTGCC AGTCCCTGCC TCAGAGGCCT | 540 |
| AATGCACGCC TAAATGGGGG GAAGGTCCAA CTTAACCTTA TGGATTTAGT GTCTGGGATT | 600 |
| CCAGCAACTC AAAGTCAAAA AATTCAAGAG GTGGGGGAGA TCACAACTT GAGAGTCAAT | 660 |
| TTCACCAGGC TGGCCCCTGT GCCCCAAAGG GGCTACCACC CTCCCAGCGC CTACTATGCT | 720 |
| GTGTCCCAGC TCCGTCTGCA GGGGAGCTGC TTCTGTCACG GCCATGCTGA TCGCTGCGCA | 780 |
| GGCAAGCCTG CCGCCTCTGC AGCCCGCTGC AGCCCTCTGC AGCTCCAGCA TCTCTCTCTC | 840 |
| CCCTGGAGAC CGGCGGAGGG CCAGGAAGGC CATGAATGCC AAAGGTGCGA CTGCAATGGG | 900 |
| CACTCAGAGA CATGTCACCT TGACCCCGCT GTGTTTGCCG CCAGCCAGGG GGCATATGGA | 1020 |

| | | | | | | |
|------------|------------|------------|------------|------------|------------|------|
| GGTGTGTGTG | ACAATTGCCG | GGACCACACC | GAAGGCAAGA | ACTGTGAGCG | GTGTCAGCTG | 1080 |
| CACTATTTCC | GGAACCGGCG | CCCGGGAGCT | TCCATTCAGG | AGACCTGCAT | CTCCTGCGAG | 1140 |
| TGTGATCCGG | ATGGGGCAGT | GCCAGGGGCT | CCCTGTGACC | CAGTGACCGG | GCAGTGTGTG | 1200 |
| TGCAAGGAGC | ATGTGCAGGG | AGAGCGCTGT | GACCTATGCA | AGCCGGGCTT | CACTGGACTC | 1260 |
| ACCTACGCCA | ACCCGCAGGG | CTGCCACCGC | TGTGACTGCA | ACATCCTGGG | GTCCCGGAGG | 1320 |
| GACATGCCGT | GTGACGAGGA | GAGTGGGCGC | TGCCTTTGTC | TGCCCAACGT | GGTGGGTCCC | 1380 |
| AAATGTGACC | AGTGTGCTCC | CTACCACTGG | AAGCTGGCCA | GTGGCCAGGG | CTGTGAACCG | 1440 |
| TGTGCCTGCG | ACCCGCACAA | CTCCCTCAGC | CCACAGTGCA | ACCAGTTCAC | AGGGCAGTGC | 1500 |
| CCCTGTCGGG | AAGGCTTTGG | TGGCCTGATG | TGCAGCGCTG | CAGCCATCCG | CCAGTGTCCA | 1560 |
| GACCGGACCT | ATGGAGACGT | GGCCACAGGA | TGCCGAGCCT | GTGACTGTGA | TTTCCGGGGA | 1620 |
| ACAGAGGGCC | CGGGCTGCGA | CAAGGCATCA | GGCCGCTGCC | TCTGCCGCCC | TGGCTTGACC | 1680 |
| GGGCCCCGCT | GTGACCAGTG | CCAGCGAGGC | TACTGCAATC | GCTACCCGGT | GTGCGTGGCC | 1740 |
| TGCCACCCTT | GCTTCCAGAC | CTATGATGCG | GACCTCCGGG | AGCAGGCCCT | GCGCTTTGGT | 1800 |
| AGACTCCGCA | ATGCCACCGC | CAGCCTGTGG | TCAGGGCCTG | GGCTGGAGGA | CCGTGGCCTG | 1860 |
| GCCTCCCGGA | TCCTAGATGC | AAAGAGTAAG | ATTGAGCAGA | TCCGAGCAGT | TCTCAGCAGC | 1920 |
| CCCGCAGTCA | CAGAGCAGGA | GGTGGCTCAG | GTGGCCAGTG | CCATCCTCTC | CCTCAGGCCA | 1980 |
| ACTCTCCAGG | GCCTGCAGCT | GGATCTGCCC | CTGGAGGAGG | AGACGTTGTC | CCTTCCGAGA | 2040 |
| GACCTGGAGA | GTCTTGACAG | AAGCTTCAAT | GGTCTCCTTA | CTATGTATCA | GAGGAAGAGG | 2100 |
| GAGCAGTTTG | AAAAAATAAG | CAGTGCTGAT | CCTTCAGGAG | CCTTCCGGAT | GCTGAGCACA | 2160 |
| GCCTACGAGC | AGTCAGCCCA | GGCTGCTCAG | CAGGTCTCCG | ACAGCTCGCG | CCTTTTGGAC | 2220 |
| CAGCTCAGGG | ACAGCCGGAG | AGAGGCAGAG | AGGCTGGTGC | GGCAGGCGGG | AGGAGGAGGA | 2280 |
| GGCACCGGCA | GCCCCAAGCT | TGTGGCCCTG | AGGCTGGAGA | TGTCTTCGTT | GCCTGACCTG | 2340 |
| ACACCCACCT | TCAACAAGCT | CTGTGGCAAC | TCCAGGCAGA | TGGCTTGAC | CCCAATATCA | 2400 |
| TGCCCTGGTG | AGCTATGTCC | CCAAGACAAT | GGCACAGCCT | GTGGCTCCCC | CTGCAGGGGT | 2460 |
| GTCCTTCCCA | GGGCCGGTGG | GGCCTTCTTG | ATGGCGGGGC | AGGTGGCTGA | GCAGCTGCGG | 2520 |
| GGCTTCAATG | CCCAGCTCCA | GCGGACCAGG | CAGATGATTA | GGGCAGCCGA | GGAATCTGCC | 2580 |
| TCACAGATTC | AATCCAGTGC | CCAGCGCTTG | GAGACCCAGG | TGACGCGCAG | CCGCTCCCAG | 2640 |
| ATGGAGGAAG | ATGTCAGACG | CACACGGCTC | CTAATCCAGC | AGGTCCGGGA | CTTCCTAACA | 2700 |
| GACCCCGACA | CTGATGCAGC | CACTATCCAG | GAGGTCAGCG | AGGCCGTGCT | GGCCCTGTGG | 2760 |

| | | | | | | |
|------------|------------|------------|------------|------------|------------|------|
| CTGCCCACAG | ACTCAGCTAC | TGTTCTGCAG | AAGATGAATG | AGATCCAGGC | CATTGCAGCC | 2820 |
| AGGCTCCCCA | ACGTGGACTT | GGTGCTGTCC | CAGACCAAGC | AGGACATTGC | GCGTGCCCGC | 2880 |
| CGGTTGCAGG | CTGAGGCTGA | GGAAGCCAGG | AGCCGAGCCC | ATGCAGTGGA | GGGCCAGGTG | 2940 |
| GAAGATGTGG | TTGGGAACCT | GCGGCAGGGG | ACAGTGGCAC | TGCAGGAAGC | TCAGGACACC | 3000 |
| ATGCAAGGCA | CCAGCCGCTC | CCTTCGGCTT | ATCCAGGACA | GGGTTGCTGA | GGTTCAGCAG | 3060 |
| GTACTGCGGC | CAGCAGAAAA | GCTGGTGACA | AGCATGACCA | AGCAGCTGGG | TGACTTCTGG | 3120 |
| ACACGGATGG | AGGAGCTCCG | CCACCAAGCC | CGGCAGCAGG | GGGCAGAGGC | AGTCCAGGCC | 3180 |
| CAGCAGCTTG | CGGAAGGTGC | CAGCGAGCAG | GCATTGAGTG | CCCAAGAGGG | ATTTGAGAGA | 3240 |
| ATAAAACAAA | AGTATGCTGA | GTTGAAGGAC | CGGTTGGGTC | AGAGTTCCAT | GCTGGGTGAG | 3300 |
| CAGGGTGCCC | GGATCCAGAC | TGTGAAGACA | CAGGCAGAGG | AGCTGTTTGG | GGAGACCATG | 3360 |
| GAGATGATGG | ACAGGATGAA | AGACATGGAG | TTGGAGCTGC | TGCGGGGCAG | CCAGGCCATC | 3420 |
| ATGCTGCGCT | CAGCGGACCT | GACAGGACTG | GAGAAGCGTG | TGGAGCAGAT | CCGTGACCAC | 3480 |
| ATCAATGGGC | GCGTGCTCTA | CTATGCCACC | TGCAAG | | | 3516 |

【0087】

配列番号：17

配列の長さ：366

配列の型：核酸

鎖の数：二本鎖

トポロジー：直鎖状

配列の種類：cDNA to mRNA

起源：

生物名：ホモ=サピエンス

細胞の種類：胃癌

クローン名：HP10298

配列

| | |
|---|-----|
| ATGGGCCTGT TGCTCCTGGT CCCATTGCTC CTGCTGCCCC GTCCTACGG ACTGCCCTTC | 60 |
| TACAACGGCT TCTACTACTC CAACAGCGCC AACGACCAGA ACCTAGGCAA CGGTCATGGC | 120 |
| AAAGACCTCC TTAATGGAGT GAAGCTGGTG GTGGAGACAC CCGAGGAGAC CCTGTTCACC | 180 |
| CGCATCCTAA CTGTGGGCCC CCAGAGCCTG GGGTCCGAAG CTTTGGCTTC CCCGACCCGC | 240 |
| AGAGCCGCTT GTACGGTGTT TACTGCTACC GCCAGCACTA GGACCTGGGG CCCTCCCCTG | 300 |
| CCGCATTCCC TCACTGGCTG TGTATTTATT GAGTGGTTCG TTTTCCCTTG TGGGTGGAG | 360 |
| CCATTT | 366 |

【0088】

配列番号：18

配列の長さ：525

配列の型：核酸

鎖の数：二本鎖

トポロジー：直鎖状

配列の種類：cDNA to mRNA

起源：

生物名：ホモ=サピエンス

細胞の種類：胃癌

クローン名：HP10368

配列

| | |
|--|-----|
| ATGGAGAAAA TTCCAGTGTC AGCATTCTTG CTCCTTGTGG CCCTCTCCTA CACTCTGGCC | 60 |
| AGAGATACCA CAGTCAAACC TGGAGCCAAA AAGGACACAA AGGACTCTCG ACCCAAAC TG | 120 |
| CCCCAGACCC TCTCCAGAGG TTGGGGTGAC CAACTCATCT GGACTCAGAC ATATGAAGAA | 180 |
| GCTCTATATA AATCCAAGAC AAGCAACAAA CCCTTGATGA TTATTCATCA CTTGGATGAG | 240 |
| TGCCCACACA GTCAAGCTTT AAAGAAAGTG TTTGCTGAAA ATAAAGAAAT CCAGAAATTG | 300 |
| GCAGAGCAGT TTGTCCTCCT CAATCTGGTT TATGAAACAA CTGACAAACA CCTTTCTCCT | 360 |
| GATGGCCAGT ATGTCCCCAG GATTATGTTT GTTGACCCAT CTCTGACAGT TAGAGCCGAT | 420 |
| ATCACTGGAA GATATTCAAA CCGTCTCTAT GCTTACGAAC CTGCAGATAC AGCTCTGTTG | 480 |
| CTTGACAACA TGAAGAAAGC TCTCAAGTTG CTGAAGACTG AATTG | 525 |

【0089】

配列番号：19

配列の長さ：1296

配列の型：核酸

鎖の数：二本鎖

トポロジー：直鎖状

配列の種類：cDNA to mRNA

起源：

生物名：ホモ=サピエンス

細胞の種類：繊維肉腫

セルライン：HT-1080

クローン名：HP00658

配列の特徴：

特徴を表す記号：CDS

存在位置：56..520

特徴を決定した方法：E

配列

| | |
|--|-----|
| CCTGCAGAGG ATCAAGACAG CACGTGGACC TCGCACAGCC TCTCCCACAG GTACC ATG | 58 |
| | Met |
| | 1 |
| AAG GTC TCC GCG GCA GCC CTC GCT GTC ATC CTC ATT GCT ACT GCC CTC | 106 |
| Lys Val Ser Ala Ala Ala Leu Ala Val Ile Leu Ile Ala Thr Ala Leu | |
| 5 10 15 | |
| TGC GCT CCT GCA TCT GCC TCC CCA TAT TCC TCG GAC ACC ACA CCC TGC | 154 |
| Cys Ala Pro Ala Ser Ala Ser Pro Tyr Ser Ser Asp Thr Thr Pro Cys | |
| 20 25 30 | |
| TGC TTT GCC TAC ATT GCC CGC CCA CTG CCC CGT GCC CAC ATC AAG GAG | 202 |
| Cys Phe Ala Tyr Ile Ala Arg Pro Leu Pro Arg Ala His Ile Lys Glu | |
| 35 40 45 | |
| TAT TTC TAC ACC AGT GGC AAG TGC TCC AAC CCA GCA GTC GTC CAC AGG | 250 |

[illegible]

| | |
|---|------|
| GAGCTTCTGA GCGCTGCTT TGTCAAAGG AAGTCTCTAG GTTCTGAGCT CTGGCTTTGC | 1130 |
| CTTGGCTTTG CCAGGGCTCT GTGACCAGGA AGGAAGTCAG CATGCCTCTA GAGGCAAGGA | 1190 |
| GGGGAGGAAC GCTGCACTCT TAAGCTTCCG CCGTCTCAAC CCCTCACAGG AGCTTACTGG | 1250 |
| CAAACATGAA AAATCGGCTT ACCATTAAAG TTCTCAATGC AACCAT | 1296 |

【0090】

配列番号：20

配列の長さ：3311

配列の型：核酸

鎖の数：二本鎖

トポロジー：直鎖状

配列の種類：cDNA to mRNA

起源：

生物名：ホモ=サピエンス

細胞の種類：類表皮癌

セルライン：KB

クローン名：HP00714

配列の特徴：

特徴を表す記号：CDS

存在位置：57..1004

特徴を決定した方法：E

配列

GAGCGGCGGC CACGGCATCC TGTGCTGTGG GGGCTACGAG GAAAGATCTA ATTATC ATG 59

Met

1

GAC CTG CGA CAG TTT CTT ATG TGC CTG TCC CTG TGC ACA GCC TTT GCC 107

Asp Leu Arg Gln Phe Leu Met Cys Leu Ser Leu Cys Thr Ala Phe Ala

5

10

15

TTG AGC AAA CCC ACA GAA AAG AAG GAC CGT GTA CAT CAT GAG CCT CAG 155

Leu Ser Lys Pro Thr Glu Lys Lys Asp Arg Val His His Glu Pro Gln

20

25

30

CTG ACT CAG AAG CTT CAG AAT CAT CCT CAG ACT TTT CAT TAT CAG CAT 202

35

40

45

GAT GCC TTC TTG GGT GCT GAA GAA GCA AAG ACC TTT GAT CAG CTG ACA 251

| | | | | | | | | | | | | | | | | |
|-----|-----|-----|-----|-----|-----|-----|-----|-----|-----|-----|-----|-----|-----|-----|-----|-----|
| Asp | Ala | Phe | Leu | Gly | Ala | Glu | Glu | Ala | Lys | Thr | Phe | Asp | Gln | Leu | Thr | |
| 50 | | | | | 55 | | | | | 60 | | | | | 65 | |
| CCA | GAA | GAG | AGC | AAG | GAA | AGG | CTT | GGA | AAG | ATT | GTA | AGT | AAA | ATA | GAT | 299 |
| Pro | Glu | Glu | Ser | Lys | Glu | Arg | Leu | Gly | Lys | Ile | Val | Ser | Lys | Ile | Asp | |
| | | | | 70 | | | | | 75 | | | | | 80 | | |
| GGC | GAC | AAG | GAC | GGG | TTT | GTC | ACT | GTG | GAT | GAG | CTC | AAA | GAC | TGG | ATT | 347 |
| Gly | Asp | Lys | Asp | Gly | Phe | Val | Thr | Val | Asp | Glu | Leu | Lys | Asp | Trp | Ile | |
| | | | | 85 | | | | | 90 | | | | | 95 | | |
| AAA | TTT | GCA | CAA | AAG | CGC | TGG | ATT | TAC | GAG | GAT | GTA | GAG | CGA | CAG | TGG | 395 |
| Lys | Phe | Ala | Gln | Lys | Arg | Trp | Ile | Tyr | Glu | Asp | Val | Glu | Arg | Gln | Trp | |
| | 100 | | | | | | 105 | | | | | | | 110 | | |
| AAG | GGG | CAT | GAC | CTC | AAT | GAG | GAC | GGC | CTC | GTT | TCC | TGG | GAG | GAG | TAT | 443 |
| Lys | Gly | His | Asp | Leu | Asn | Glu | Asp | Gly | Leu | Val | Ser | Trp | Glu | Glu | Tyr | |
| | 115 | | | | | 120 | | | | | | 125 | | | | |
| AAA | AAT | GCC | ACC | TAC | GGC | TAC | GTT | TTA | GAT | GAT | CCA | GAT | CCT | GAT | GAT | 491 |
| Lys | Asn | Ala | Thr | Tyr | Gly | Tyr | Val | Leu | Asp | Asp | Pro | Asp | Pro | Asp | Asp | |
| 130 | | | | | | 135 | | | | | 140 | | | | 145 | |
| GGA | TTT | AAC | TAT | AAA | CAG | ATG | ATG | GTT | AGA | GAT | GAG | CGG | AGG | TTT | AAA | 539 |
| Gly | Phe | Asn | Tyr | Lys | Gln | Met | Met | Val | Arg | Asp | Glu | Arg | Arg | Phe | Lys | |
| | | | | 150 | | | | | 155 | | | | | 160 | | |
| ATG | GCA | GAC | AAG | GAT | GGA | GAC | CTC | ATT | GCC | ACC | AAG | GAG | GAG | TTC | ACA | 587 |
| Met | Ala | Asp | Lys | Asp | Gly | Asp | Leu | Ile | Ala | Thr | Lys | Glu | Glu | Phe | Thr | |
| | | | | 165 | | | | | 170 | | | | | 175 | | |
| GCT | TTC | CTG | CAC | CCT | GAG | GAG | TAT | GAC | TAC | ATG | AAA | GAT | ATA | GTA | GTA | 635 |
| Ala | Phe | Leu | His | Pro | Glu | Glu | Tyr | Asp | Tyr | Met | Lys | Asp | Ile | Val | Val | |
| | 180 | | | | | | 185 | | | | | | 190 | | | |
| CAG | GAA | ACA | ATG | GAA | GAT | ATA | GAT | AAG | AAT | GCT | GAT | GGT | TTC | ATT | GAT | 683 |
| Gln | Glu | Thr | Met | Glu | Asp | Ile | Asp | Lys | Asn | Ala | Asp | Gly | Phe | Ile | Asp | |
| 195 | | | | | | | 200 | | | | | | | 205 | | |

| | |
|--|------|
| CTA GAA GAG TAT ATT GGT GAC ATG TAC AGC CAT GAT GGG AAT ACT GAT | 731 |
| Leu Glu Glu Tyr Ile Gly Asp Met Tyr Ser His Asp Gly Asn Thr Asp | |
| 210 215 220 225 | |
| GAG CCA GAA TGG GTA AAG ACA GAG CGA GAG CAG TTT GTT GAG TTT CGG | 779 |
| Glu Pro Glu Trp Val Lys Thr Glu Arg Glu Gln Phe Val Glu Phe Arg | |
| 230 235 240 | |
| GAT AAG AAC CGT GAT GGG AAG ATG GAC AAG GAA GAG ACC AAA GAC TGG | 827 |
| Asp Lys Asn Arg Asp Gly Lys Met Asp Lys Glu Glu Thr Lys Asp Trp | |
| 245 250 255 | |
| ATC CTT CCC TCA GAC TAT GAT CAT GCA GAG GCA GAA GCC AGG CAC CTC | 875 |
| Ile Leu Pro Ser Asp Tyr Asp His Ala Glu Ala Glu Ala Arg His Leu | |
| 260 265 270 | |
| GTC TAT GAA TCA GAC CAA AAC AAG GAT GGC AAG CTT ACC AAG GAG GAG | 923 |
| Val Tyr Glu Ser Asp Gln Asn Lys Asp Gly Lys Leu Thr Lys Glu Glu | |
| 275 280 285 | |
| ATC GTT GAC AAG TAT GAC TTA TTT GTT GGC AGC CAG GCC ACA GAT TTT | 971 |
| Ile Val Asp Lys Tyr Asp Leu Phe Val Gly Ser Gln Ala Thr Asp Phe | |
| 290 295 300 305 | |
| GGG GAG GCC TTA GTA CGG CAT GAT GAG TTC TGAGCTACGG AGGAACCCT | 1020 |
| Gly Glu Ala Leu Val Arg His Asp Glu Phe | |
| 310 315 | |
| CATTCCTCA AAAGTAATTT ATTTTACAG CTTCTGGTTT CACATGAAAT TGTTTGCGCT | 1080 |
| ACTGAGACTG TTAACATAAA CTTTAAAGA CATGAAAAGG CGTAATGAAA ACCATCCCGT | 1140 |
| CCCCATTCCT CCTCCTCTCT GAGGGACTGG AGGGAAGCCG TGCTTCTGAG GAACAACTCT | 1200 |
| AATTAGTACA CTTGTGTTTG TAGATTTACA CTTTGTATTA TGTATTAACA TGGCGTGTTC | 1260 |
| ATTTTAACTT TTTTAACTTA TTTTAACTTA TTTTAACTTA TTTTAACTTA TTTTAACTTA | 1320 |
| TTACTTAACT AATTTTGTAA GCCTGAGATC AATAAGAAAT GTTCAGGAGA GAGGAAAGAA | 1440 |
| AAAAAATATA TGCTCCACAA TTTATATTTA GAGAGAGAAC ACTTAGTCTT GCCTGTCAAA | 1500 |

| | | | | | | |
|------------|------------|-------------|------------|------------|------------|------|
| AAGTCCAACA | TTTCATAGGT | AGTAGGGGCC | ACATATTACA | TTCAGTTGCT | ATAGGTCCAG | 1560 |
| CAACTGAACC | TGCCATTACC | TGGGCAAGGA | AAGATCCCTT | TGCTCTAGGA | AAGCTTGGCC | 1620 |
| CAAATTGATT | TTCTTCTTTT | TCCCCCTGTA | GGACTGACTG | TTGGCTAATT | TTGTCAAGCA | 1680 |
| CAGCTGTGGT | GGGAAGAGTT | AGGGCCAGTG | TCTTGAAAAT | CAATCAAGTA | GTGAATGTGA | 1740 |
| TCTCTTTGCA | GAGCTATAGA | TAGAAACAGC | TGGAAAATA | AAGGAAAAAT | ACAAGTGTTT | 1800 |
| TCGGGGCATA | CATTTTTTTT | CTGGGTGTGC | ATCTGTTGAA | ATGCTCAAGA | CTTAATTATT | 1860 |
| TGCCTTTTGA | AATCACTGTA | AATGCCCCCA | TCCGGTTCCT | CTTCTTCCCA | GGTGTGCCAA | 1920 |
| GGAATTAATC | TTGGTTTCAC | TACAATTAAA | ATTCACTCCT | TTCCAATCAT | GTCATTGAAA | 1980 |
| GTGCCTTTAA | CGAAAGAAAT | GGTCACTGAA | TGGGAATTCT | CTTAAGAAAC | CCTGAGATTA | 2040 |
| AAAAAAGACT | ATTTGGATAA | CTTATAGGAA | AGCCTAGAAC | CTCCCAGTAG | AGTGGGGATT | 2100 |
| TTTTTCTTCT | TCCCTTTCTC | TTTTGGACAA | TAGTTAAATT | AGCAGTATTA | GTTATGAGTT | 2160 |
| TGGTTGCAGT | GTTCTTATCT | TGTGGGCTGA | TTTCCAAAAA | CCACATGCTG | CTGAATTTAC | 2220 |
| CAGGGATCCT | CATACCTCAC | AATGCAAACC | ACTTACTACC | AGGCCTTTTT | CTGTGTCCAC | 2280 |
| TGGAGAGCTT | GAGCTCACAC | TCAAAGATCA | GAGGACCTAC | AGAGAGGGCT | CTTTGGTTTG | 2340 |
| AGGACCATGG | CTTACCTTTC | CTGCCTTTGA | CCCATCACAC | CCCATTTCTT | CCTCTTTCCC | 2400 |
| TCTCCCCGCT | GCCAAAAAAA | AAAAAAAAAAG | GAAACGTTTA | TCATGAATCA | ACAGGGTTTC | 2460 |
| AGTCCTTATC | AAAGAGAGAT | GTGGAAAGAG | CTAAAGAAAC | CACCCTTTGT | TCCCAACTCC | 2520 |
| ACTTTACCCA | TATTTTATGC | AACACAAACA | CTGTCCTTTT | GGGTCCCTTT | CTTACAGATG | 2580 |
| GACCTCTTGA | GAAGAATTAT | CGTATTCCAC | GTTTTTAGCC | CTCAGGTAC | CAAGATAAAT | 2640 |
| ATATGTATAT | ATAACCTTTA | TTATTGCTAT | ATCTTTGTGG | ATAATACATT | CAGGTGGTGC | 2700 |
| TGGGTGATTT | ATTATAATCT | GAACCTAGGT | ATATCCTTTG | GTCTTCCACA | GTCATGTTGA | 2760 |
| GGTGGGCTCC | CTGGTATGGT | AAAAAGCCAG | GTATAATGTA | ACTTCACCCC | AGCCTTTGTA | 2820 |
| CTAAGCTCTT | GATAGTGGAT | ATACTCTTTT | AAGTTTAGCC | CCAATATAGG | GTAATGGAAA | 2880 |
| TTTCCTGCCC | TCTGGGTTCC | CCATTTTTTAC | TATTAAGAAG | ACCAGTGATA | ATTTAATAAT | 2940 |
| GCCACCAACT | CTGGCTTAGT | TAAGTGAGAG | TGTGAACTGT | GTGGCAAGAG | AGCCTCACAC | 3000 |
| CTCACTAGGT | GCAGAGAGCC | CAGGCCTTAT | GTAAAATCA | TGCACTTGAA | AAGCAAACCT | 3060 |
| TAATCTGCAA | AGACAGCAGC | AAGCATTATA | CGGTCATCTT | GAATGATCCC | TTTGAAATTT | 3120 |
| TTTTTTTGTT | TGTTTGTTTA | AATCAAGCCT | GAGGCTGGTG | AACAGTAGCT | ACACACCCAT | 3180 |
| ATTGTGTGTT | CTGTGAATGC | TAGCTTTCTT | GAATTTGGAT | ATTGGTTATT | TTTTATAGAG | 3240 |

特平 8-243060

TGTAAACCAA GTTTATATT CTGCAATGCG AACAGGTACC TATCTGTTTC TAAATAAAAC 3300

TGTTTACATT C 3311

【0091】

配列番号 : 21

配列の長さ : 1152

配列の型 : 核酸

鎖の数 : 二本鎖

トポロジー : 直鎖状

配列の種類 : cDNA to mRNA

起源 :

生物名 : ホモ=サピエンス

細胞の種類 : 胃癌

クローン名 : HP00876

配列の特徴 :

特徴を表す記号 : CDS

存在位置 : 147...623

特徴を決定した方法 : E

配列

| | |
|---|-----|
| ACTGGAGACA CTGAAGAAGG CAGGGGCCCT TAGAGTCTTG GTTGCCAAAC AGATTTGCAG | 60 |
| ATCAAGGAGA ACCCAGGAGT TTCAAAGAAG CGCTAGTAAG GTCTCTGAGA TCCTTGCACT | 120 |
| AGCTACATCC TCAGGGTAGG AGGAAG ATG GCT TCC AGA AGC ATG CGG CTG CTC | 173 |
| Met Ala Ser Arg Ser Met Arg Leu Leu | |
| 1 5 | |
| CTA TTG CTG AGC TGC CTG GCC AAA ACA GGA GTC CTG GGT GAT ATC ATC | 221 |
| Leu Leu Leu Ser Cys Leu Ala Lys Thr Gly Val Leu Gly Asp Ile Ile | |
| 10 15 20 25 | |
| ATG AGA CCC AGC TGT GCT CCT GGA TGG TTT TAC CAC AAG TCC AAT TGC | 269 |
| Met Arg Pro Ser Cys Ala Pro Gly Trp Phe Tyr His Lys Ser Asn Cys | |
| 30 35 40 | |
| TAT GGT TAC TTC AGG AAG CTG AGG AAC TGG TCT GAT GCC GAG CTC GAG | 317 |
| Tyr Gly Tyr Phe Arg Lys Leu Arg Asn Trp Ser Asp Ala Glu Leu Glu | |
| 45 50 55 | |

| | |
|--|------|
| TGT CAG TCT TAC GGA AAC GGA GCC CAC CTG GCA TCT ATC CTG AGT TTA | 365 |
| Cys Gln Ser Tyr Gly Asn Gly Ala His Leu Ala Ser Ile Leu Ser Leu | |
| 60 65 70 | |
| AAG GAA GCC AGC ACC ATA GCA GAG TAC ATA AGT GGC TAT CAG AGA AGC | 413 |
| Lys Glu Ala Ser Thr Ile Ala Glu Tyr Ile Ser Gly Tyr Gln Arg Ser | |
| 75 80 85 | |
| CAG CCG ATA TGG ATT GGC CTG CAC GAC CCA CAG AAG AGG CAG CAG TGG | 461 |
| Gln Pro Ile Trp Ile Gly Leu His Asp Pro Gln Lys Arg Gln Gln Trp | |
| 90 95 100 105 | |
| CAG TGG ATT GAT GGG GCC ATG TAT CTG TAC AGA TCC TGG TCT GGC AAG | 509 |
| Gln Trp Ile Asp Gly Ala Met Tyr Leu Tyr Arg Ser Trp Ser Gly Lys | |
| 110 115 120 | |
| TCC ATG GGT GGG AAC AAG CAC TGT GCT GAG ATG AGC TCC AAT AAC AAC | 557 |
| Ser Met Gly Gly Asn Lys His Cys Ala Glu Met Ser Ser Asn Asn Asn | |
| 125 130 135 | |
| TTT TTA ACT TGG AGC AGC AAC GAA TGC AAC AAG CGC CAA CAC TTC CTG | 605 |
| Phe Leu Thr Trp Ser Ser Asn Glu Cys Asn Lys Arg Gln His Phe Leu | |
| 140 145 150 | |
| TGC AAG TAC CGA CCA TAGAGCAAGA ATCAAGATTC TGCTAACTCC | 650 |
| Cys Lys Tyr Arg Pro | |
| 155 | |
| TGCACAGCCC CGTCCTCTTC CTTTCTGCTA GCCTGGCTAA ATCTGCTCAT TATTTTCAGAG | 710 |
| GGGAAACCTA GCAAACCTAAG AGTGATAAGG GCCCTACTAC ACTGGCTTTT TTAGGCTTAG | 770 |
| AGACAGAAAC TTTAGCATTG GCCCAGTAGT GGCTTCTAGC TCTAAATGTT TGCCCCGCCA | 830 |
| TCCCTTTCCA CAGTATCCTT CTTCCCTCCT CCCCTGTCTC TGGCTGTCTC GAGCAGTCTA | 890 |
| GAAGAGTCCA TCTCCAGCCT ATGAAACAGC TGGCTCTTTC GCCATAAGAA CTAAAGATTT | 950 |
| CTGGCTCTTC TCAATGGCT GCAAGCCACC CCAGCCACTC AACTCCTGCT TGTTTTTCCT | 1070 |
| TTGGCCATGG GAAGGTTTAC CAGTAGAATC CTTGCTAGGT TGATGTGGGC CATAATTCC | 1130 |

特平 8—243060

TTAATAAAC CATTGTGTAC AT

1152

【0092】

配列番号：22

配列の長さ：1749

配列の型：核酸

鎖の数：二本鎖

トポロジー：直鎖状

配列の種類：cDNA to mRNA

起源：

生物名：ホモ=サピエンス

細胞の種類：肝臓

クローン名：HP01134

配列の特徴：

特徴を表す記号：CDS

存在位置：117..1247

特徴を決定した方法：E

配列

| | |
|---|-----|
| AATCACAGCA GTNCCGACGT CGTGGGTGTT TGGTGTGAGG CTGCGAGCCG CCGCCGCCAC | 60 |
| CACTGCCACC ACGGTCGCCT GCCACAGGTG TCTGCAATTG AACTCCAAGG TGCAGA ATG | 119 |
| | Met |
| | 1 |
| GTT TGG AAA GTA GCT GTA TTC CTC AGT GTG GCC CTG GGC ATT GGT GCC | 167 |
| Val Trp Lys Val Ala Val Phe Leu Ser Val Ala Leu Gly Ile Gly Ala | |
| 5 10 15 | |
| GTT CCT ATA GAT GAT CCT GAA GAT GGA GGC AAG CAC TGG GTG GTG ATC | 215 |
| Val Pro Ile Asp Asp Pro Glu Asp Gly Gly Lys His Trp Val Val Ile | |
| 20 25 30 | |
| CTG GCA GGT TCA AAT GGC TGG TAT AAT TAT AGC CAG CAG GCA CAG GCG | 262 |
| | |
| TGC CAT GCC TAC CAG ATC ATT CAC CGC AAT GGG ATT CCT GAC GAA CAG | 311 |

| | | | | | | | | | | | | | | | | |
|-----|-----|-----|-----|-----|-----|-----|-----|-----|-----|-----|-----|-----|-----|-----|-----|-----|
| Cys | His | Ala | Tyr | Gln | Ile | Ile | His | Arg | Asn | Gly | Ile | Pro | Asp | Glu | Gln | |
| 50 | | | | | 55 | | | | | 60 | | | | | 65 | |
| ATC | GTT | GTG | ATG | ATG | TAC | GAT | GAC | ATT | GCT | TAC | TCT | GAA | GAC | AAT | CCC | 359 |
| Ile | Val | Val | Met | Met | Tyr | Asp | Asp | Ile | Ala | Tyr | Ser | Glu | Asp | Asn | Pro | |
| | | | 70 | | | | | 75 | | | | | | 80 | | |
| ACT | CCA | GGA | ATT | GTG | ATC | AAC | AGG | CCC | AAT | GGC | ACA | GAT | GTC | TAT | CAG | 407 |
| Thr | Pro | Gly | Ile | Val | Ile | Asn | Arg | Pro | Asn | Gly | Thr | Asp | Val | Tyr | Gln | |
| | | | 85 | | | | | 90 | | | | | | 95 | | |
| GGA | GTC | CCG | AAG | GAC | TAC | ACT | GGA | GAG | GAT | GTT | ACC | CCA | CAA | AAT | TTC | 455 |
| Gly | Val | Pro | Lys | Asp | Tyr | Thr | Gly | Glu | Asp | Val | Thr | Pro | Gln | Asn | Phe | |
| | 100 | | | | | | 105 | | | | | 110 | | | | |
| CTT | GCT | GTG | TTG | AGA | GGC | GAT | GCA | GAA | GCA | GTG | AAG | GGC | ATA | GGA | TCC | 503 |
| Leu | Ala | Val | Leu | Arg | Gly | Asp | Ala | Glu | Ala | Val | Lys | Gly | Ile | Gly | Ser | |
| | 115 | | | | | 120 | | | | | | 125 | | | | |
| GGC | AAA | GTC | CTG | AAG | AGT | GGC | CCC | CAG | GAT | CAC | GTG | TTC | ATT | TAC | TTC | 551 |
| Gly | Lys | Val | Leu | Lys | Ser | Gly | Pro | Gln | Asp | His | Val | Phe | Ile | Tyr | Phe | |
| 130 | | | | 135 | | | | | 140 | | | | 145 | | | |
| ACT | GAC | CAT | GGA | TCT | ACT | GGA | ATA | CTG | GTT | TTT | CCC | AAT | GAA | GAT | CTT | 599 |
| Thr | Asp | His | Gly | Ser | Thr | Gly | Ile | Leu | Val | Phe | Pro | Asn | Glu | Asp | Leu | |
| | | | 150 | | | | | 155 | | | | | 160 | | | |
| CAT | GTA | AAG | GAC | CTG | AAT | GAG | ACC | ATC | CAT | TAC | ATG | TAC | AAA | CAC | AAA | 647 |
| His | Val | Lys | Asp | Leu | Asn | Glu | Thr | Ile | His | Tyr | Met | Tyr | Lys | His | Lys | |
| | | | 165 | | | | | 170 | | | | | 175 | | | |
| ATG | TAC | CGA | AAG | ATG | GTG | TTC | TAC | ATT | GAA | GCC | TGT | GAG | TCT | GGG | TCC | 695 |
| Met | Tyr | Arg | Lys | Met | Val | Phe | Tyr | Ile | Glu | Ala | Cys | Glu | Ser | Gly | Ser | |
| | 180 | | | | | 185 | | | | | 190 | | | | | |
| ATG | ATG | AAC | CAC | CTG | CCG | GAT | AAC | ATC | AAT | GTT | TAT | GCA | ACT | ACT | GCT | 743 |
| Met | Met | Asn | His | Leu | Pro | Asp | Asn | Ile | Asn | Val | Tyr | Ala | Thr | Thr | Ala | |
| | 195 | | | | | 200 | | | | | 205 | | | | | |

| | | | | | | | | | | | | | | | | |
|-----|-----|-----|-----|-----|-----|-----|-----|-----|-----|-----|-----|-----|-----|-----|-----|-----|
| GCC | AAC | CCC | AGA | GAG | TCG | TCC | TAC | GCC | TGT | TAC | TAT | GAT | GAG | AAG | AGG | 791 |
| Ala | Asn | Pro | Arg | Glu | Ser | Ser | Tyr | Ala | Cys | Tyr | Tyr | Asp | Glu | Lys | Arg | |
| 210 | | | | 215 | | | | 220 | | | | 225 | | | | |
| TCC | ACG | TAC | CTG | GGG | GAC | TGG | TAC | AGC | GTC | AAC | TGG | ATG | GAA | GAC | TCG | 839 |
| Ser | Thr | Tyr | Leu | Gly | Asp | Trp | Tyr | Ser | Val | Asn | Trp | Met | Glu | Asp | Ser | |
| 230 | | | | 235 | | | | 240 | | | | | | | | |
| GAC | GTG | GAA | GAT | CTG | ACT | AAA | GAG | ACC | CTG | CAC | AAG | CAG | TAC | CAC | CTG | 887 |
| Asp | Val | Glu | Asp | Leu | Thr | Lys | Glu | Thr | Leu | His | Lys | Gln | Tyr | His | Leu | |
| 245 | | | | 250 | | | | 255 | | | | | | | | |
| GTA | AAA | TCG | CAC | ACC | AAC | ACC | AGC | CAC | GTC | ATG | CAG | TAT | GGA | AAC | AAA | 935 |
| Val | Lys | Ser | His | Thr | Asn | Thr | Ser | His | Val | Met | Gln | Tyr | Gly | Asn | Lys | |
| 260 | | | | 265 | | | | 270 | | | | | | | | |
| ACA | ATC | TCC | ACC | ATG | AAA | GTG | ATG | CAG | TTT | CAG | GGT | ATG | AAA | CGC | AAA | 983 |

| | | | | | | | | | | | | | | | | |
|------------|------------|------------|------------|------------|------------|-----|------------|------------|--------|-----|-----|-----|-----|-----|-----|------|
| Thr | Ile | Ser | Thr | Met | Lys | Val | Met | Gln | Phe | Gln | Gly | Met | Lys | Arg | Lys | |
| 275 | | | | | | 280 | | | | | 285 | | | | | |
| GCC | AGT | TCT | CCC | GTC | CCC | CTA | CCT | CCA | GTC | ACA | CAC | CTT | GAC | CTC | ACC | 1031 |
| Ala | Ser | Ser | Pro | Val | Pro | Leu | Pro | Pro | Val | Thr | His | Leu | Asp | Leu | Thr | |
| 290 | | | | | 295 | | | | | 300 | | | | | 305 | |
| CCC | AGC | CCT | GAT | GTG | CCT | CTC | ACC | ATC | ATG | AAA | AGG | AAA | CTG | ATG | AAC | 1079 |
| Pro | Ser | Pro | Asp | Val | Pro | Leu | Thr | Ile | Met | Lys | Arg | Lys | Leu | Met | Asn | |
| | | | | 310 | | | | | 315 | | | | | 320 | | |
| ACC | AAT | GAT | CTG | GAG | GAG | TCC | AGG | CAG | CTC | ACG | GAG | GAG | ATC | CAG | CGG | 1127 |
| Thr | Asn | Asp | Leu | Glu | Glu | Ser | Arg | Gln | Leu | Thr | Glu | Glu | Ile | Gln | Arg | |
| | | | 325 | | | | | 330 | | | | | 335 | | | |
| CAT | CTG | GAT | TAC | GAG | TAT | GCG | TTG | AGA | CAT | TTG | TAC | GTG | CTG | GTC | AAC | 1175 |
| His | Leu | Asp | Tyr | Glu | Tyr | Ala | Leu | Arg | His | Leu | Tyr | Val | Leu | Val | Asn | |
| | | | 340 | | | | 345 | | | | | | 350 | | | |
| CTT | TGT | GAG | AAG | CCG | TAT | CCG | CTT | CAC | AGG | ATA | AAA | TTG | TCC | ATG | GAC | 1223 |
| Leu | Cys | Glu | Lys | Pro | Tyr | Pro | Leu | His | Arg | Ile | Lys | Leu | Ser | Met | Asp | |
| | | | 355 | | | | 360 | | | | | | 365 | | | |
| CAC | GTG | TGC | CTT | GGT | CAC | TAC | TGAAGAGCTG | CCTCCTGGAA | GCTTTT | | | | | | | 1270 |
| His | Val | Cys | Leu | Gly | His | Tyr | | | | | | | | | | |
| 370 | | | | | | 375 | | | | | | | | | | |
| CCAAGTGTGA | GCGCCCCACC | GACTGTGTGC | TGATCAGAGA | CTGGAGAGGT | GGAGTGAGAA | | | | | | | | | | | 1330 |
| GTCTCCGCTG | CTCGGGCCCT | CCTGGGGAGC | CCCCGCTCCA | GGGCTCGCTC | CAGGACCTTC | | | | | | | | | | | 1390 |
| TTCACAAGAT | GACTTGCTCG | CTGTTACCTG | CTTCCCCAGT | CTTTTCTGAA | AAACTACAAA | | | | | | | | | | | 1450 |
| TTAGGGTGGG | AAAAGCTCTG | TATTGAGAAG | GGTCATATTT | GCTTTCTAGG | AGGTTTGTTG | | | | | | | | | | | 1510 |
| TTTTGCCTGT | TAGTTTTGAG | GAGCAGGAAG | CTCATGGGGG | CTTCTGTAGC | CCCTCTCAAA | | | | | | | | | | | 1570 |
| AGGAGTCTTT | ATTCTGAGAA | TTTGAAGCTG | AAACCTCTTT | AAATCTTCAG | AATGATTTTA | | | | | | | | | | | 1630 |
| TTGAAGAGGG | CCGCAAGCCC | CAAATGGAAA | ACTGTTTTTA | GAAAATATGA | TGATTTTTGA | | | | | | | | | | | 1690 |
| TTGCTTTTGT | ATTAAATTCT | GCAGGTGTTC | AAGTCTTAAA | AAATAAAGAT | TTATAACAG | | | | | | | | | | | 1749 |

【0093】

配列番号：23

配列の長さ：988

配列の型：核酸

鎖の数：二本鎖

トポロジー：直鎖状

配列の種類：cDNA to mRNA

起源：

生物名：ホモ=サピエンス

細胞の種類：類表皮癌

セルライン：KB

クローン名：HP10029

配列の特徴：

特徴を表す記号：CDS

存在位置：9...530

特徴を決定した方法：E

配列

| | |
|--|-----|
| AGTCCAAC ATG GCG GCG CCC AGC GGA GGG TGG AAC GGC GTC CGC GCG AGC | 50 |
| Met Ala Ala Pro Ser Gly Gly Trp Asn Gly Val Arg Ala Ser | |
| 1 5 10 | |
| TTG TGG GCC GCG CTG CTC CTA GGG GCC GTG GCG CTG AGG CCG GCG GAG | 98 |
| Leu Trp Ala Ala Leu Leu Leu Gly Ala Val Ala Leu Arg Pro Ala Glu | |
| 15 20 25 30 | |
| GCG GTG TCC GAG CCC ACG ACC GTG GCG TTT GAC GTG CGG CCC GGC GGC | 146 |
| Ala Val Ser Glu Pro Thr Thr Val Ala Phe Asp Val Arg Pro Gly Gly | |
| 35 40 45 | |
| CTG CTC CAT TCC TTT TTT CAT AAC CTC GCG GCG GCG GAG AAA TAT ACC | 194 |
| 50 55 60 | |
| TGT ATG TTC ACT TAC GCC TCT CAA GGA GGG ACC AAT GAG CAA TGG CAG | 242 |

| | |
|---|-----|
| Cys Met Phe Thr Tyr Ala Ser Gln Gly Gly Thr Asn Glu Gln Trp Gln | |
| 65 70 75 | |
| ATG AGT CTG GGG ACC AGC GAA GAC CAC CAG CAC TTC ACC TGC ACC ATC | 290 |
| Met Ser Leu Gly Thr Ser Glu Asp His Gln His Phe Thr Cys Thr Ile | |
| 80 85 90 | |
| TGG AGG CCC CAG GGG AAG TCC TAT CTG TAC TTC ACA CAG TTC AAG GCA | 338 |
| Trp Arg Pro Gln Gly Lys Ser Tyr Leu Tyr Phe Thr Gln Phe Lys Ala | |
| 95 100 105 110 | |
| GAG GTG CGG GGC GCT GAG ATT GAG TAC GCC ATG GCC TAC TCT AAA GCC | 386 |
| Glu Val Arg Gly Ala Glu Ile Glu Tyr Ala Met Ala Tyr Ser Lys Ala | |
| 115 120 125 | |
| GCA TTT GAA AGG GAA AGT GAT GTC CCT CTG AAA ACT GAG GAA TTT GAA | 434 |
| Ala Phe Glu Arg Glu Ser Asp Val Pro Leu Lys Thr Glu Glu Phe Glu | |
| 130 135 140 | |
| GTG ACC AAA ACA GCA GTG GCT CAC AGG CCC GGG GCA TTC AAA GCT GAG | 482 |
| Val Thr Lys Thr Ala Val Ala His Arg Pro Gly Ala Phe Lys Ala Glu | |
| 145 150 155 | |
| CTG TCC AAG CTG GTG ATT GTG GCC AAG GCA TCG CGC ACT GAG CTG | 527 |
| Leu Ser Lys Leu Val Ile Val Ala Lys Ala Ser Arg Thr Glu Leu | |
| 160 165 170 | |
| TGA CCAGCAGCCC TGTTGCGGGT GGCACCTTCT CATCTCCGGT GAAGCTGAAG | 580 |
| GGGCCTGTGG CCCTGAAAGG GCCAGCACAT CACTGGTTTT CTAGGAGGGA CTCTTAAGTT | 640 |
| TTCTACCTGG GCTGACGTTG CCTTGTCCGG AGGGGCTTGC AGGGTGGCTG AAGCCCTGGG | 700 |
| GCAGAGAACA GAGGGTCCAG GGCCCTCCTG GCTCCCAACA GCTTCTCAGT TCCCACTTCC | 760 |
| TGCTGAGCTC TTCTGGACTC AGGATCGCAG ATCCGGGGCA CAAAGAGGGT GGGGAACATG | 820 |
| GGGGCTATGC TGGGGAAAGC AGCCATGCTC CCCCCGACCT CCAGCCGAGC ATCCTTCATG | 880 |
| AGCCTGCAGA ACTGCTTTCC TATGTTTACC CAGGGGACCT CCTTTCAGAT GAACTGGGAA | 940 |
| GAGATGAAAT GTTTTTTCAT ATTTAAATAA ATAAGAACAT TAAAAAGC | 988 |

【0094】

配列番号：24

配列の長さ：390

配列の型：核酸

鎖の数：二本鎖

トポロジー：直鎖状

配列の種類：cDNA to mRNA

起源：

生物名：ホモ＝サピエンス

細胞の種類：類表皮癌

セルライン：KB

クローン名：HP10189

配列の特徴：

特徴を表す記号：CDS

存在位置：102..323

特徴を決定した方法：E

配列

| | |
|---|-----|
| AATCAGCTTC AGCAATGGAG CGTGCAAAAC ACCAGTGAGC TTCTGTCTTG CTGGAGGGTC | 60 |
| GGCTTTGGGC GGAAGTGGCT TTGTTGACCG GGAGAAACGA G ATG GGG GTG AAG CTG | 116 |
| Met Gly Val Lys Leu | |
| 1 5 | |
| GAG ATA TTT CGG ATG ATA ATC TAC CTC ACT TTC CCT GTG GCT ATG TTC | 164 |
| Glu Ile Phe Arg Met Ile Ile Tyr Leu Thr Phe Pro Val Ala Met Phe | |
| 10 15 20 | |
| TGG GTT TCC AAT CAG GCC GAG TGG TTT GAG GAC GAT GTC ATA CAG CGC | 212 |
| Trp Val Ser Asn Gln Ala Glu Trp Phe Glu Asp Asp Val Ile Gln Arg | |
| 25 30 35 | |
| Lys Arg Glu Leu Trp Pro Pro Glu Lys Leu Gln Glu Ile Glu Glu Phe | |
| 40 45 50 | |

AAA GAG AGG TTA CGG AAG CGG CGG GAG GAG AAG CTC CTT CGC GAC GCC 308

Lys Glu Arg Leu Arg Lys Arg Arg Glu Glu Lys Leu Leu Arg Asp Ala

55

60

65

CAG CAG AAC TCC TGAGGCCTCC AAGTGGGAGT CCTAGCCCCT 350

Gln Gln Asn Ser

70

CCCCTGATGA AATATACATA TACTCAGTTC CTTGTTATTC 390

【0095】

配列番号：25

配列の長さ：4667

配列の型：核酸

鎖の数：二本鎖

トポロジー：直鎖状

配列の種類：cDNA to mRNA

起源：

生物名：ホモ=サピエンス

細胞の種類：リンホーマ

セルライン：U937

クローン名：HP10269

配列の特徴：

特徴を表す記号：CDS

存在位置：754...4272

特徴を決定した方法：E

配列

| | |
|---|-----|
| CATTAGTTA CTCTGCTCAT TTCTCTTAAG CTTTCCTTGG ATGAGTTGAG CTTTGAATCC | 60 |
| TTCCTGATGA ACCTTGCCTT TTAAGGATCC TCCAAATGCC CCAAGAAGCT GGGATTTTTC | 120 |
| ATTTTTTTTT TCACTGGGGA GGGGAATGGT GCTTTCCAGG GTCCTGGATG TTTGAGTCTT | 180 |
| CTCACCTTCC AGCCCGGTGA TATGTCTGGA GCTTTAACTC TCTATATAAG CCCTAATCTT | 240 |
| TGTGTTCTCT GCCTGATCTT CTGTCTGGGG TGGTCCAGGT CACAAGAAGA AGCTGACCCC | 300 |
| TGCTGGCTTT GGGAAAATGC TGAGTTCATT GCCTGGCACA AATGCAAGGG CCCTTCCCCA | 360 |
| CCCTGTGAAT TCTGGTCTCT GATGATCACT TACATGTGCC TTGTGCTTTC TGTTTGAGGG | 420 |
| GCCCCTTGCA GCCCCACAG GCAGGTGGGC ATTGTGGAGC TCACTACAAG AACTCTGGGA | 480 |
| CCGACCGACC AACCCACTTG CCCAGTCCCG TCCTGGGAGG TGGGGGTGCA GTGACGACAG | 540 |
| ATGCTCTCA GCGCTGGAG ATTGCTACA GCGGCTTC CCTGGGCTA CAGCCAGCCA | 600 |
| CATTCAAGAG GAGCTTTCAG GCGATCTGGA GAAAGAACGG CAGAACACAC AGCAAGGAAA | 720 |
| GGTCCTTTCT GGGGATCACC CCATTGGCTG AAG ATG AGA CCA TTC TTC CTC TTG | 774 |

Met Arg Pro Phe Phe Leu Leu

1

5

TGT TTT GCC CTG CCT GGC CTC CTG CAT GCC CAA CAA GCC TGC TCC CGT 822
Cys Phe Ala Leu Pro Gly Leu Leu His Ala Gln Gln Ala Cys Ser Arg

10

15

20

GGG GCC TGC TAT CCA CCT GTT GGG GAC CTG CTT GTT GGG AGG ACC CGG 870
Gly Ala Cys Tyr Pro Pro Val Gly Asp Leu Leu Val Gly Arg Thr Arg

25

30

35

TTT CTC CGA GCT TCA TCT ACC TGT GGA CTG ACC AAG CCT GAG ACC TAC 918
Phe Leu Arg Ala Ser Ser Thr Cys Gly Leu Thr Lys Pro Glu Thr Tyr

40

45

50

55

TGC ACC CAG TAT GGC GAG TGG CAG ATG AAA TGC TGC AAG TGT GAC TCC 966
Cys Thr Gln Tyr Gly Glu Trp Gln Met Lys Cys Cys Lys Cys Asp Ser

60

65

70

AGG CAG CCT CAC AAC TAC TAC AGT CAC CGA GTA GAG AAT GTG GCT TCA 1014
Arg Gln Pro His Asn Tyr Tyr Ser His Arg Val Glu Asn Val Ala Ser

75

80

85

TCC TCC GGC CCC ATG CGC TGG TGG CAG TCC CAG AAT GAT GTG AAC CCT 1062
Ser Ser Gly Pro Met Arg Trp Trp Gln Ser Gln Asn Asp Val Asn Pro

90

95

100

GTC TCT CTG CAG CTG GAC CTG GAC AGG AGA TTC CAG CTT CAA GAA GTC 1110
Val Ser Leu Gln Leu Asp Leu Asp Arg Arg Phe Gln Leu Gln Glu Val

105

110

115

ATG ATG GAG TTC CAG GGG CCC ATG CCT GCC GGC ATG CTG ATT GAG CGC 1158
Met Met Glu Phe Gln Gly Pro Met Pro Ala Gly Met Leu Ile Glu Arg

120

125

130

135

TCC TCA GAC TTC GGT AAG ACC TGG CGA GTG TAC CAG TAC CTG GCT GCC 1206
Ser Ser Asp Phe Gly Lys Thr Trp Arg Val Tyr Gln Tyr Leu Ala Ala

140

145

150

| | |
|---|------|
| GAC TGC ACC TCC ACC TTC CCT CGG GTC CGC CAG GGT CGG CCT CAG AGC | 1254 |
| Asp Cys Thr Ser Thr Phe Pro Arg Val Arg Gln Gly Arg Pro Gln Ser | |
| 155 160 165 | |
| TGG CAG GAT GTT CGG TGC CAG TCC CTG CCT CAG AGG CCT AAT GCA CGC | 1302 |
| Trp Gln Asp Val Arg Cys Gln Ser Leu Pro Gln Arg Pro Asn Ala Arg | |
| 170 175 180 | |
| CTA AAT GGG GGG AAG GTC CAA CTT AAC CTT ATG GAT TTA GTG TCT GGG | 1350 |
| Leu Asn Gly Gly Lys Val Gln Leu Asn Leu Met Asp Leu Val Ser Gly | |
| 185 190 195 | |
| ATT CCA GCA ACT CAA AGT CAA AAA ATT CAA CAG GTC GGG GAG ATC ACA | 1398 |
| Ile Pro Ala Thr Gln Ser Gln Lys Ile Gln Glu Val Gly Glu Ile Thr | |
| 200 205 210 215 | |
| AAC TTG AGA GTC AAT TTC ACC AGG CTG GCC CCT GTG CCC CAA AGG GGC | 1446 |
| Asn Leu Arg Val Asn Phe Thr Arg Leu Ala Pro Val Pro Gln Arg Gly | |
| 220 225 230 | |
| TAC CAC CCT CCC AGC GCC TAC TAT GCT GTG TCC CAG CTC CGT CTG CAG | 1494 |
| Tyr His Pro Pro Ser Ala Tyr Tyr Ala Val Ser Gln Leu Arg Leu Gln | |
| 235 240 245 | |
| GGG AGC TGC TTC TGT CAC GGC CAT GCT GAT CGC TGC GCA CCC AAG CCT | 1542 |
| Gly Ser Cys Phe Cys His Gly His Ala Asp Arg Cys Ala Pro Lys Pro | |
| 250 255 260 | |
| GGG GCC TCT GCA GGC CCC TCC ACC GCT GTG CAG GTC CAC GAT GTC TGT | 1590 |
| Gly Ala Ser Ala Gly Pro Ser Thr Ala Val Gln Val His Asp Val Cys | |
| 265 270 275 | |
| GTC TGC CAG CAC AAC ACT GCC GGC CCA AAT TGT GAG CGC TGT GCA CCC | 1638 |
| Val Cys Gln His Asn Thr Ala Gly Pro Asn Cys Gln Arg Cys Ala Pro | |
| 1686 | |
| TTC TAC AAC AAC CGG CCC TGG AGA CCG GCG GAG GGC CAG GAC GGC CAT | |
| Phe Tyr Asn Asn Arg Pro Trp Arg Pro Ala Glu Gly Gln Asp Ala His | |

| | | | |
|---|-----|-----|------|
| 300 | 305 | 310 | |
| GAA TGC CAA AGG TGC GAC TGC AAT GGG CAC TCA GAG ACA TGT CAC TTT | | | 1734 |
| Glu Cys Gln Arg Cys Asp Cys Asn Gly His Ser Glu Thr Cys His Phe | | | |
| 315 | 320 | 325 | |
| GAC CCC GCT GTG TTT GCC GCC AGC CAG GGG GCA TAT GGA GGT GTG TGT | | | 1782 |
| Asp Pro Ala Val Phe Ala Ala Ser Gln Gly Ala Tyr Gly Gly Val Cys | | | |
| 330 | 335 | 340 | |
| GAC AAT TGC CGG GAC CAC ACC GAA GGC AAG AAC TGT GAG CGG TGT CAG | | | 1830 |
| Asp Asn Cys Arg Asp His Thr Glu Gly Lys Asn Cys Glu Arg Cys Gln | | | |
| 345 | 350 | 355 | |
| CTG CAC TAT TTC CGG AAC CGG CGC CCG GGA GCT TCC ATT CAG GAG ACC | | | 1878 |
| Leu His Tyr Phe Arg Asn Arg Arg Pro Gly Ala Ser Ile Gln Glu Thr | | | |
| 360 | 365 | 370 | 375 |
| TGC ATC TCC TGC GAG TGT GAT CCG GAT GGG GCA GTG CCA GGG GCT CCC | | | 1926 |
| Cys Ile Ser Cys Glu Cys Asp Pro Asp Gly Ala Val Pro Gly Ala Pro | | | |
| 380 | 385 | 390 | |
| TGT GAC CCA GTG ACC GGG CAG TGT GTG TGC AAG GAG CAT GTG CAG GGA | | | 1974 |
| Cys Asp Pro Val Thr Gly Gln Cys Val Cys Lys Glu His Val Gln Gly | | | |
| 395 | 400 | 405 | |
| GAG CGC TGT GAC CTA TGC AAG CCG GGC TTC ACT GGA CTC ACC TAC GCC | | | 2022 |
| Glu Arg Cys Asp Leu Cys Lys Pro Gly Phe Thr Gly Leu Thr Tyr Ala | | | |
| 410 | 415 | 420 | |
| AAC CCG CAG GGC TGC CAC CGC TGT GAC TGC AAC ATC CTG GGG TCC CGG | | | 2070 |
| Asn Pro Gln Gly Cys His Arg Cys Asp Cys Asn Ile Leu Gly Ser Arg | | | |
| 425 | 430 | 435 | |
| AGG GAC ATG CCG TGT GAC GAG GAG AGT GGG CGC TGC CTT TGT CTG CCC | | | 2118 |
| Arg Asp Met Pro Cys Asp Glu Glu Ser Gly Arg Cys Leu Cys Leu Pro | | | |
| 440 | 445 | 450 | 455 |
| AAC GTG GTG GGT CCC AAA TGT GAC CAG TGT GCT CCC TAC CAC TGG AAG | | | 2166 |

| | |
|---|------|
| Asn Val Val Gly Pro Lys Cys Asp Gln Cys Ala Pro Tyr His Trp Lys | |
| 460 465 470 | |
| CTG GCC AGT GGC CAG GGC TGT GAA CCG TGT GCC TGC GAC CCG CAC AAC | 2214 |
| Leu Ala Ser Gly Gln Gly Cys Glu Pro Cys Ala Cys Asp Pro His Asn | |
| 475 480 485 | |
| TCC CTC AGC CCA CAG TGC AAC CAG TTC ACA GGG CAG TGC CCC TGT CGG | 2262 |
| Ser Leu Ser Pro Gln Cys Asn Gln Phe Thr Gly Gln Cys Pro Cys Arg | |
| 490 495 500 | |
| GAA GGC TTT GGT GGC CTG ATG TGC AGC GCT GCA GCC ATC CGC CAG TGT | 2310 |
| Glu Gly Phe Gly Gly Leu Met Cys Ser Ala Ala Ala Ile Arg Gln Cys | |
| 505 510 515 | |
| CCA GAC CGG ACC TAT GGA GAC GTG GCC ACA GGA TGC CGA GCC TGT GAC | 2358 |
| Pro Asp Arg Thr Tyr Gly Asp Val Ala Thr Gly Cys Arg Ala Cys Asp | |
| 520 525 530 535 | |
| TGT GAT TTC CGG GGA ACA GAG GGC CCG GGC TGC GAC AAG GCA TCA GGC | 2406 |
| Cys Asp Phe Arg Gly Thr Glu Gly Pro Gly Cys Asp Lys Ala Ser Gly | |
| 540 545 550 | |
| CGC TGC CTC TGC CGC CCT GGC TTG ACC GGG CCC CGC TGT GAC CAG TGC | 2454 |
| Arg Cys Leu Cys Arg Pro Gly Leu Thr Gly Pro Arg Cys Asp Gln Cys | |
| 555 560 565 | |
| CAG CGA GGC TAC TGC AAT CGC TAC CCG GTG TGC GTG GCC TGC CAC CCT | 2502 |
| Gln Arg Gly Tyr Cys Asn Arg Tyr Pro Val Cys Val Ala Cys His Pro | |
| 570 575 580 | |
| TGC TTC CAG ACC TAT GAT GCG GAC CTC CGG GAG CAG GCC CTG CGC TTT | 2550 |
| Cys Phe Gln Thr Tyr Asp Ala Asp Leu Arg Glu Gln Ala Leu Arg Phe | |
| 585 590 595 | |
| Gly Arg Leu Arg Asn Ala Thr Ala Ser Leu Trp Ser Gly Pro Gly Leu | |
| 600 605 610 615 | |

| | |
|---|------|
| GAG GAC CGT GGC CTG GCC TCC CGG ATC CTA GAT GCA AAG AGT AAG ATT | 2646 |
| Glu Asp Arg Gly Leu Ala Ser Arg Ile Leu Asp Ala Lys Ser Lys Ile | |
| 620 625 630 | |
| GAG CAG ATC CGA GCA GTT CTC AGC AGC CCC GCA GTC ACA GAG CAG GAG | 2694 |
| Glu Gln Ile Arg Ala Val Leu Ser Ser Pro Ala Val Thr Glu Gln Glu | |
| 635 640 645 | |
| GTG GCT CAG GTG GCC AGT GCC ATC CTC TCC CTC AGG CGA ACT CTC CAG | 2742 |
| Val Ala Gln Val Ala Ser Ala Ile Leu Ser Leu Arg Arg Thr Leu Gln | |
| 650 655 660 | |
| GGC CTG CAG CTG GAT CTG CCC CTG GAG GAG GAG ACG TTG TCC CTT CCG | 2790 |
| Gly Leu Gln Leu Asp Leu Pro Leu Glu Glu Glu Thr Leu Ser Leu Pro | |
| 665 670 675 | |
| AGA GAC CTG GAG AGT CTT GAC AGA AGC TTC AAT GGT CTC CTT ACT ATG | 2838 |
| Arg Asp Leu Glu Ser Leu Asp Arg Ser Phe Asn Gly Leu Leu Thr Met | |
| 680 685 690 695 | |
| TAT CAG AGG AAG AGG GAG CAG TTT GAA AAA ATA AGC AGT GCT GAT CCT | 2886 |
| Tyr Gln Arg Lys Arg Glu Gln Phe Glu Lys Ile Ser Ser Ala Asp Pro | |
| 700 705 710 | |
| TCA GGA GCC TTC CGG ATG CTG AGC ACA GCC TAC GAG CAG TCA GCC CAG | 2934 |
| Ser Gly Ala Phe Arg Met Leu Ser Thr Ala Tyr Glu Gln Ser Ala Gln | |
| 715 720 725 | |
| GCT GCT CAG CAG GTC TCC GAC AGC TCG CGC CTT TTG GAC CAG CTC AGG | 2982 |
| Ala Ala Gln Gln Val Ser Asp Ser Ser Arg Leu Leu Asp Gln Leu Arg | |
| 730 735 740 | |
| GAC AGC CGG AGA GAG GCA GAG AGG CTG GTG CGG CAG GCG GGA GGA GGA | 3030 |
| Asp Ser Arg Arg Glu Ala Glu Arg Leu Val Arg Gln Ala Gly Gly Gly | |
| 745 750 755 | |
| GGA GGC ACC GGC AGC CCC AAG CTT GTG GCC CTG AGG CTG GAG ATG TCT | 3078 |
| Gly Gly Thr Gly Ser Pro Lys Leu Val Ala Leu Arg Leu Glu Met Ser | |

| | | | | |
|---|-----|-----|-----|------|
| 760 | 765 | 770 | 775 | |
| TCG TTG CCT GAC CTG ACA CCC ACC TTC AAC AAG CTC TGT GGC AAC TCC | | | | 3126 |
| Ser Leu Pro Asp Leu Thr Pro Thr Phe Asn Lys Leu Cys Gly Asn Ser | | | | |
| | 780 | 785 | 790 | |
| AGG CAG ATG GCT TGC ACC CCA ATA TCA TGC CCT GGT GAG CTA TGT CCC | | | | 3174 |
| Arg Gln Met Ala Cys Thr Pro Ile Ser Cys Pro Gly Glu Leu Cys Pro | | | | |
| | 795 | 800 | 805 | |
| CAA GAC AAT GGC ACA GCC TGT GGC TCC CGC TGC AGG GGT GTC CTT CCC | | | | 3222 |
| Gln Asp Asn Gly Thr Ala Cys Gly Ser Arg Cys Arg Gly Val Leu Pro | | | | |
| | 810 | 815 | 820 | |
| AGG GCC GGT GGG GCC TTC TTG ATG GCG GGG CAG GTG GCT GAG CAG CTG | | | | 3270 |
| Arg Ala Gly Gly Ala Phe Leu Met Ala Gly Gln Val Ala Glu Gln Leu | | | | |
| | 825 | 830 | 835 | |
| CGG GGC TTC AAT GCC CAG CTC CAG CGG ACC AGG CAG ATG ATT AGG GCA | | | | 3318 |
| Arg Gly Phe Asn Ala Gln Leu Gln Arg Thr Arg Gln Met Ile Arg Ala | | | | |
| 840 | 845 | 850 | 855 | |
| GCC GAG GAA TCT GCC TCA CAG ATT CAA TCC AGT GCC CAG CGC TTG GAG | | | | 3366 |
| Ala Glu Glu Ser Ala Ser Gln Ile Gln Ser Ser Ala Gln Arg Leu Glu | | | | |
| | 860 | 865 | 870 | |
| ACC CAG GTG AGC GCC AGC CGC TCC CAG ATG GAG GAA GAT GTC AGA CGC | | | | 3414 |
| Thr Gln Val Ser Ala Ser Arg Ser Gln Met Glu Glu Asp Val Arg Arg | | | | |
| | 875 | 880 | 885 | |
| ACA CGG CTC CTA ATC CAG CAG GTC CGG GAC TTC CTA ACA GAC CCC GAC | | | | 3462 |
| Thr Arg Leu Leu Ile Gln Gln Val Arg Asp Phe Leu Thr Asp Pro Asp | | | | |
| | 890 | 895 | 900 | |
| CGG GGC TTC AAT GCC CAG CTC CAG CGG ACC AGG CAG ATG ATT AGG GCA | | | | 3516 |
| Arg Gly Phe Asn Ala Gln Leu Gln Arg Thr Arg Gln Met Ile Arg Ala | | | | |
| | 905 | 910 | 915 | |
| TGG CTG CCC ACA GAC TCA GCT ACT GTT CTG CAG AAG ATG AAT GAG ATC | | | | 3558 |

| | | | | | | | | | | | | | | | | |
|------|-----|-----|------|-----|------|-----|-----|------|------|-----|-----|-----|------|-----|-----|------|
| Trp | Leu | Pro | Thr | Asp | Ser | Ala | Thr | Val | Leu | Gln | Lys | Met | Asn | Glu | Ile | |
| 920 | | | | | 925 | | | | 930 | | | | | 935 | | |
| CAG | GCC | ATT | GCA | GCC | AGG | CTC | CCC | AAC | GTG | GAC | TTG | GTG | CTG | TCC | CAG | 3606 |
| Gln | Ala | Ile | Ala | Ala | Arg | Leu | Pro | Asn | Val | Asp | Leu | Val | Leu | Ser | Gln | |
| | | | 940 | | | | | 945 | | | | | 950 | | | |
| ACC | AAG | CAG | GAC | ATT | GCG | CGT | GCC | CGC | CGG | TTG | CAG | GCT | GAG | GCT | GAG | 3654 |
| Thr | Lys | Gln | Asp | Ile | Ala | Arg | Ala | Arg | Arg | Leu | Gln | Ala | Glu | Ala | Glu | |
| | | | 955 | | | | | 960 | | | | | 965 | | | |
| GAA | GCC | AGG | AGC | CGA | GCC | CAT | GCA | GTG | GAG | GGC | CAG | GTG | GAA | GAT | GTG | 3702 |
| Glu | Ala | Arg | Ser | Arg | Ala | His | Ala | Val | Glu | Gly | Gln | Val | Glu | Asp | Val | |
| | | | 970 | | | | | 975 | | | | | 980 | | | |
| GTT | GGG | AAC | CTG | CGG | CAG | GGG | ACA | GTG | GCA | CTG | CAG | GAA | GCT | CAG | GAC | 3750 |
| Val | Gly | Asn | Leu | Arg | Gln | Gly | Thr | Val | Ala | Leu | Gln | Glu | Ala | Gln | Asp | |
| | | | 985 | | | | | 990 | | | | | 995 | | | |
| ACC | ATG | CAA | GGC | ACC | AGC | CGC | TCC | CTT | CGG | CTT | ATC | CAG | GAC | AGG | GTT | 3798 |
| Thr | Met | Gln | Gly | Thr | Ser | Arg | Ser | Leu | Arg | Leu | Ile | Gln | Asp | Arg | Val | |
| 1000 | | | | | 1005 | | | | 1010 | | | | 1015 | | | |
| GCT | GAG | GTT | CAG | CAG | GTA | CTG | CGG | CCA | GCA | GAA | AAG | CTG | GTG | ACA | AGC | 3846 |
| Ala | Glu | Val | Gln | Gln | Val | Leu | Arg | Pro | Ala | Glu | Lys | Leu | Val | Thr | Ser | |
| | | | | | 1020 | | | | 1025 | | | | 1030 | | | |
| ATG | ACC | AAG | CAG | CTG | GGT | GAC | TTC | TGG | ACA | CGG | ATG | GAG | GAG | CTC | CGC | 3894 |
| Met | Thr | Lys | Gln | Leu | Gly | Asp | Phe | Trp | Thr | Arg | Met | Glu | Glu | Leu | Arg | |
| | | | 1035 | | | | | 1040 | | | | | 1045 | | | |
| CAC | CAA | GCC | CGG | CAG | CAG | GGG | GCA | GAG | GCA | GTC | CAG | GCC | CAG | CAG | CTT | 3942 |
| His | Gln | Ala | Arg | Gln | Gln | Gly | Ala | Glu | Ala | Val | Gln | Ala | Gln | Gln | Leu | |
| | | | 1050 | | | | | 1055 | | | | | 1060 | | | |
| GCG | GAA | GGT | GCC | AGC | GAG | CAG | GCA | TTG | AGT | GCC | CAA | GAG | GGA | TTT | GAG | 3990 |
| Ala | Glu | Gly | Ala | Ser | Glu | Gln | Ala | Leu | Ser | Ala | Gln | Glu | Gly | Phe | Glu | |
| | | | 1065 | | | | | 1070 | | | | | 1075 | | | |

| | | | |
|--|------|------|------|
| AGA ATA AAA CAA AAG TAT GCT GAG TTG AAG GAC CGG TTG GGT CAG AGT | 4038 | | |
| Arg Ile Lys Gln Lys Tyr Ala Glu Leu Lys Asp Arg Leu Gly Gln Ser | | | |
| 1080 | 1085 | 1090 | 1095 |
| TCC ATG CTG GGT GAG CAG GGT GCC CGG ATC CAG AGT GTG AAG ACA GAG | 4086 | | |
| Ser Met Leu Gly Glu Gln Gly Ala Arg Ile Gln Ser Val Lys Thr Glu | | | |
| 1100 | 1105 | 1110 | |
| GCA GAG GAG CTG TTT GGG GAG ACC ATG GAG ATG ATG GAC AGG ATG AAA | 4134 | | |
| Ala Glu Glu Leu Phe Gly Glu Thr Met Glu Met Met Asp Arg Met Lys | | | |
| 1115 | 1120 | 1125 | |
| GAC ATG GAG TTG CAG CTC CTC CGC GGC AGC CAG GCC ATC ATG CTG CGC | 4182 | | |
| Asp Met Glu Leu Glu Leu Leu Arg Gly Ser Gln Ala Ile Met Leu Arg | | | |
| 1130 | 1135 | 1140 | |
| TCA GCG GAC CTG ACA GGA CTG GAG AAG CGT GTG GAG CAG ATC CGT GAC | 4230 | | |
| Ser Ala Asp Leu Thr Gly Leu Glu Lys Arg Val Glu Gln Ile Arg Asp | | | |
| 1145 | 1150 | 1155 | |
| CAC ATC AAT GGG CGC GTG CTC TAC TAT GCC ACC TGC AAG T | 4270 | | |
| His Ile Asn Gly Arg Val Leu Tyr Tyr Ala Thr Cys Lys | | | |
| 1160 | 1165 | 1170 | |
| GATGCTACAG CTTCCAGCCC GTTGCCCCAC TCATCTGCCG CCTTTGCTTT TGGTTGGGGG | 4330 | | |
| CAGATTGGGT TGGAAATGCTT TCCATCTCCA GGAGACTTTC ATGCAGCCTA AAGTACAGCC | 4390 | | |
| TGGACCACCC CTGGTGTGTA GCTAGTAAGA TTACCCTGAG CTGCAGCTGA GCCTGAGCCA | 4450 | | |
| ATGGGACAGT TACACTTGAC AGACAAAGAT GGTGGAGATT GGCATGCCAT TGAAACTAAG | 4510 | | |
| AGCTCTCAAG TCAAGGAAGC TGGGCTGGGC AGTATCCCCC GCCTTTAGTT CTCCACTGGG | 4570 | | |
| GAGGAATCCT GGACCAAGCA CAAAACTTA ACAAAAGTGA TGTA AAAAATG AAAAGCCAAA | 4630 | | |
| TAAAAATCTT TGGAAAAGAG CCTGGAGGTT CAACGAG | 4667 | | |

配列番号：26

配列の長さ：1086

配列の型：核酸

鎖の数：二本鎖

トポロジー：直鎖状

配列の種類：cDNA to mRNA

起源：

生物名：ホモ=サピエンス

細胞の種類：胃癌

クローン名：HP10298

配列の特徴：

特徴を表す記号：CDS

存在位置：138..506

特徴を決定した方法：E

配列

| | |
|--|-----|
| TTTAATTTCC CCGAAATCAG ACTGCTGCCT TGGACCGGGA CAGCTCGCGG CCCCCGAGAG | 60 |
| CTCTAGCCGT CGAGGAGCTG CCTGGGGACG TTTGCCCTGG GGCCCCAGCC TGGCCCCGGGT | 120 |
| CACCCTGGCA TGAGGAG ATG GGC CTG TTG CTC CTG GTC CCA TTG CTC CTG | 170 |
| Met Gly Leu Leu Leu Leu Val Pro Leu Leu Leu | |
| 1 5 10 | |
| CTG CCC GGC TCC TAC GGA CTG CCC TTC TAC AAC GGC TTC TAC TAC TCC | 218 |
| Leu Pro Gly Ser Tyr Gly Leu Pro Phe Tyr Asn Gly Phe Tyr Tyr Ser | |
| 15 20 25 | |
| AAC AGC GCC AAC GAC CAG AAC CTA GGC AAC GGT CAT GGC AAA GAC CTC | 266 |
| Asn Ser Ala Asn Asp Gln Asn Leu Gly Asn Gly His Gly Lys Asp Leu | |
| 30 35 40 | |
| CTT AAT GGA GTG AAG CTG GTG GTG GAG ACA CCC GAG GAG ACC CTG TTC | 314 |
| Leu Asn Gly Val Lys Leu Val Val Glu Thr Pro Glu Glu Thr Leu Phe | |
| 45 50 55 | |

| | |
|---|------|
| ACC CGC ATC CTA ACT GTG GGC CCC CAG AGC CTG GGG TCC GAA GCT TTG | 362 |
| Thr Arg Ile Leu Thr Val Gly Pro Gln Ser Leu Gly Ser Glu Ala Leu | |
| 60 65 70 75 | |
| GCT TCC CCG ACC CGC AGA GCC GCT TGT ACG GTG TTT ACT GCT ACC GCC | 410 |
| Ala Ser Pro Thr Arg Arg Ala Ala Cys Thr Val Phe Thr Ala Thr Ala | |
| 80 85 90 | |
| AGC ACT AGG ACC TGG GGC CCT CCC CTG CCG CAT TCC CTC ACT GGC TGT | 458 |
| Ser Thr Arg Thr Trp Gly Pro Pro Leu Pro His Ser Leu Thr Gly Cys | |
| 95 100 105 | |
| GTA TTT ATT GAG TGG TTC GTT TTC CCT TGT GGG TTC GAG CCA TTT | 503 |
| Val Phe Ile Glu Trp Phe Val Phe Pro Cys Gly Leu Glu Pro Phe | |
| 110 115 120 | |
| TAAGTGT TTTTATACTT CTCAATTAA ATTTTCTTTA AACATTTTTT TACTATTTTT | 560 |
| TGTAAAGCAA ACAGAACCCA ATGCCTCCCT TTGCTCCTGG ATGCCCCACT CCAGGAATCA | 620 |
| TGCTTGCTCC CCTGGGCCAT TTGCGGTTTT GTGGGCTTCT GGAGGGTTCC CCGCCATCCA | 680 |
| GGCTGGTCTC CCTCCCTTAA GGAGGTGGT GCCCAGAGTG GGCGGTGGCC TGTCTAGAAT | 740 |
| GCCGCCGGGA GTCCGGGCAT GGTGGGCACA GTTCTCCCTG CCCCTCAGCC TGGGGGAAGA | 800 |
| AGAGGGCCTC GGGGGCCTCC GGAGCTGGGC TTTGGGCCTC TCCTGCCCAC CTCTACTTCT | 860 |
| CTGTGAAGCC GCTGACCCCA GTCTGCCCAC TGAGGGGCTA GGGCTGGAAG CCAGTTCTAG | 920 |
| GCTTCCAGGC GAAAGCTGAG GGAAGGAAGA AACTCCCCTC CCCGTTCCCC TTCCCCTCTC | 980 |
| GGTTCCAAAG AATCTGTTTT GTTGTCATTT GTTTCTCCTG TTTCCCTGTG TGGGGAGGGG | 1040 |
| CCCTCAGGTG TGTGTACTTT GGACAATAAA TGGTGCTATG ACTGCC | 1086 |

【0097】

特平 8-243060

配列番号：27

配列の長さ：866

配列の型：核酸

鎖の数：二本鎖

トポロジー：直鎖状

配列の種類：cDNA to mRNA

起源：

生物名：ホモ=サピエンス

細胞の種類：胃癌

クローン名：HP10368

配列の特徴：

特徴を表す記号：CDS

存在位置：73..600

特徴を決定した方法：E

配列

| | |
|---|-----|
| ACTCAGAAGC TTGACCGCA TCCTAGCCGC CGACTCACAC AAGGCAGGTG GGTGAGGAAA | 60 |
| TCCAGAGTTG CC ATG GAG AAA ATT CCA GTG TCA GCA TTC TTG CTC CTT GTG | 111 |
| Met Glu Lys Ile Pro Val Ser Ala Phe Leu Leu Leu Val | |
| 1 5 10 | |
| GCC CTC TCC TAC ACT CTG GCC AGA GAT ACC ACA GTC AAA CCT GGA GCC | 159 |
| Ala Leu Ser Tyr Thr Leu Ala Arg Asp Thr Thr Val Lys Pro Gly Ala | |
| 15 20 25 | |
| AAA AAG GAC ACA AAG GAC TCT CGA CCC AAA CTG CCC CAG ACC CTC TCC | 207 |
| Lys Lys Asp Thr Lys Asp Ser Arg Pro Lys Leu Pro Gln Thr Leu Ser | |
| 30 35 40 45 | |
| AGA GGT TGG GGT GAC CAA CTC ATC TGG ACT CAG ACA TAT GAA GAA GCT | 255 |
| Arg Glu Thr Glu Thr Glu Leu Ile Trp Thr Gln Thr Tyr Glu Glu Ala | |
| CTA TAT AAA TCC AAG ACA AGC AAC AAA CCC TTG ATG ATT ATT CAT CAC | 303 |
| Leu Tyr Lys Ser Lys Thr Ser Asn Lys Pro Leu Met Ile Ile His His | |

| | | | |
|---|-----|-----|-----|
| 65 | 70 | 75 | |
| TTG GAT GAG TGC CCA CAC AGT CAA GCT TTA AAG AAA GTG TTT GCT GAA | | | 351 |
| Leu Asp Glu Cys Pro His Ser Gln Ala Leu Lys Lys Val Phe Ala Glu | | | |
| 80 | 85 | 90 | |
| AAT AAA GAA ATC CAG AAA TTG GCA GAG CAG TTT GTC CTC CTC AAT CTG | | | 399 |
| Asn Lys Glu Ile Gln Lys Leu Ala Glu Gln Phe Val Leu Leu Asn Leu | | | |
| 95 | 100 | 105 | |
| GTT TAT GAA ACA ACT GAC AAA CAC CTT TCT CCT GAT GGC CAG TAT GTC | | | 447 |
| Val Tyr Glu Thr Thr Asp Lys His Leu Ser Pro Asp Gly Gln Tyr Val | | | |
| 110 | 115 | 120 | 125 |
| CCC AGG ATT ATG TTT GTT GAC CCA TCT CTG ACA GTT AGA GCC GAT ATC | | | 495 |
| Pro Arg Ile Met Phe Val Asp Pro Ser Leu Thr Val Arg Ala Asp Ile | | | |
| 130 | 135 | 140 | |
| ACT GGA AGA TAT TCA AAC CGT CTC TAT GCT TAC GAA CCT GCA GAT ACA | | | 543 |
| Thr Gly Arg Tyr Ser Asn Arg Leu Tyr Ala Tyr Glu Pro Ala Asp Thr | | | |
| 145 | 150 | 155 | |
| GCT CTG TTG CTT GAC AAC ATG AAG AAA GCT CTC AAG TTG CTG AAG ACT | | | 591 |
| Ala Leu Leu Leu Asp Asn Met Lys Lys Ala Leu Lys Leu Leu Lys Thr | | | |
| 160 | 165 | 170 | |
| GAA TTG TAAAGAAAAA AAATCTCCAA GCCCTTCTGT CTGTCAGGCC TTG | | | 640 |
| Glu Leu | | | |
| 175 | | | |
| AGACTTGAAA CCAGAAGAAG TGTGAGAAGA CTGGCTAGTG TGGAAGCATA GTGAACACAC | | | 700 |
| TGATTAGGTT ATGGTTTAAT GTTACAACAA CTATTTTTTA AGAAAAACAA GTTTTAGAAA | | | 760 |
| TTTGGTTTCA AGTGTACATG TGTGAAAACA ATATTGTATA CTACCATAGT GAGCCATGAT | | | 820 |
| TTTCTAAAAA AAAAAATAAA TGTTTTGGGG GTGTTCTGTT TTCTCC | | | 866 |

【0098】

【図面の簡単な説明】

【図1】 分泌シグナル配列検出ベクター pSSD3 の構造を表す図である。

【図2】 分泌シグナル配列-ウロキナーゼ融合遺伝子の作製法を示す図である。

【図3】 クローンHP00658がコードする蛋白質の疎水性／親水性プロフィールを示す図である。

【図4】 クローンHP00714がコードする蛋白質の疎水性／親水性プロフィールを示す図である。

【図5】 クローンHP00876がコードする蛋白質の疎水性／親水性プロフィールを示す図である。

【図6】 クローンHP01134がコードする蛋白質の疎水性／親水性プロフィールを示す図である。

【図7】 クローンHP10029がコードする蛋白質の疎水性／親水性プロフィールを示す図である。

【図8】 クローンHP10189がコードする蛋白質の疎水性／親水性プロフィールを示す図である。

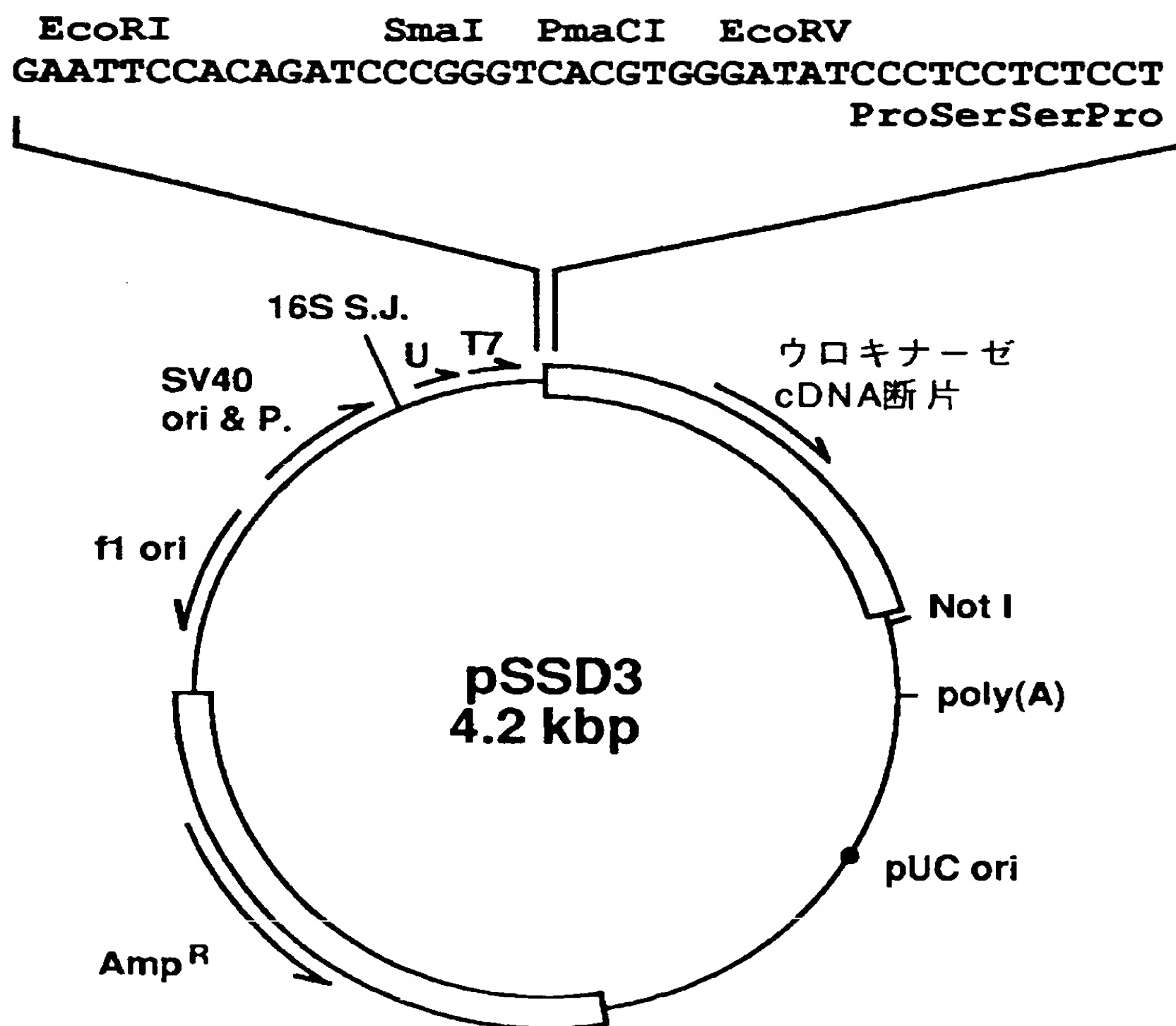
【図9】 クローンHP10269がコードする蛋白質の疎水性／親水性プロフィールを示す図である。

【図10】 クローンHP10298がコードする蛋白質の疎水性／親水性プロフィールを示す図である。

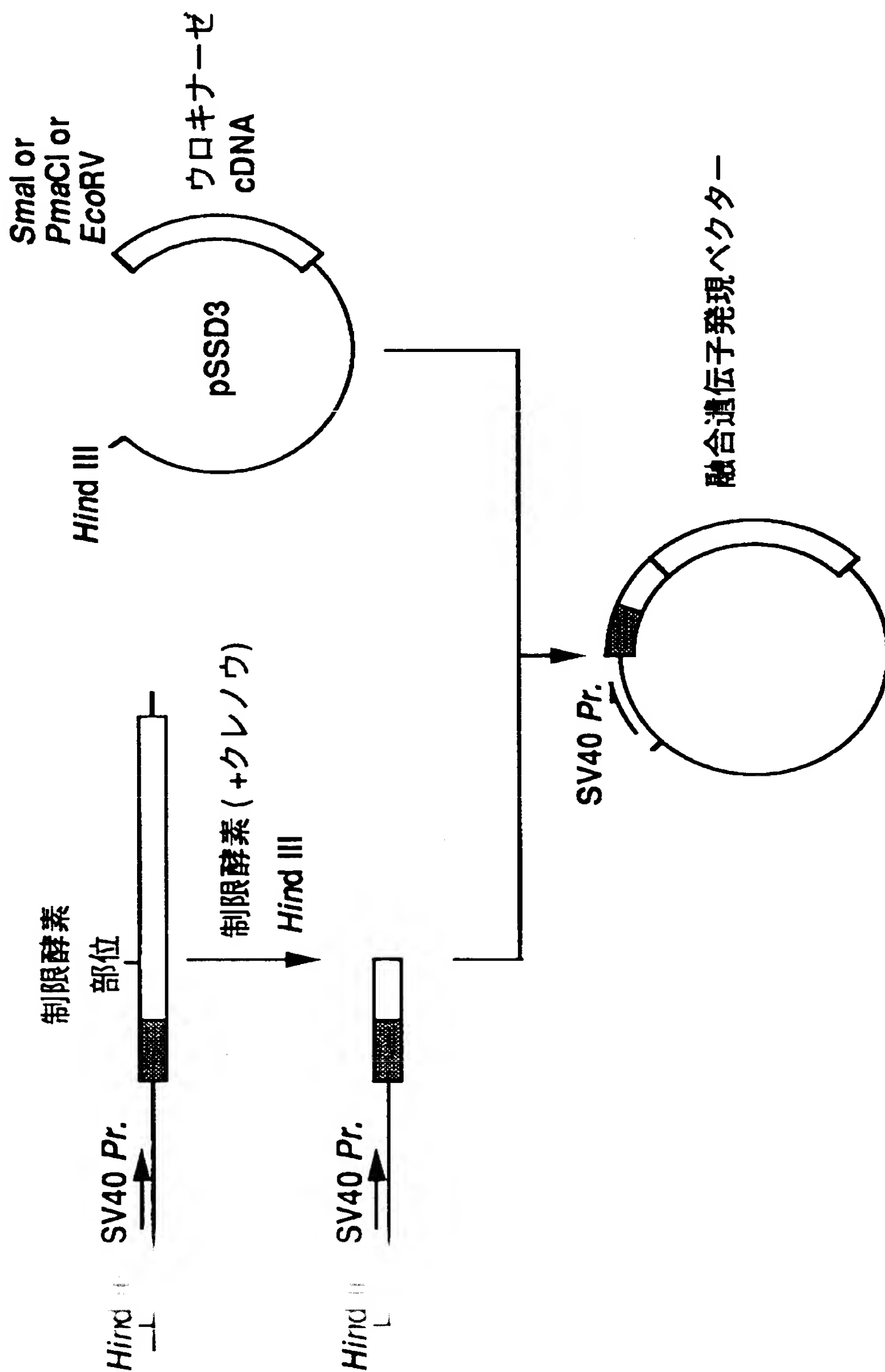
【図11】 クローンHP10368がコードする蛋白質の疎水性／親水性プロフィールを示す図である。

【書類名】 図面

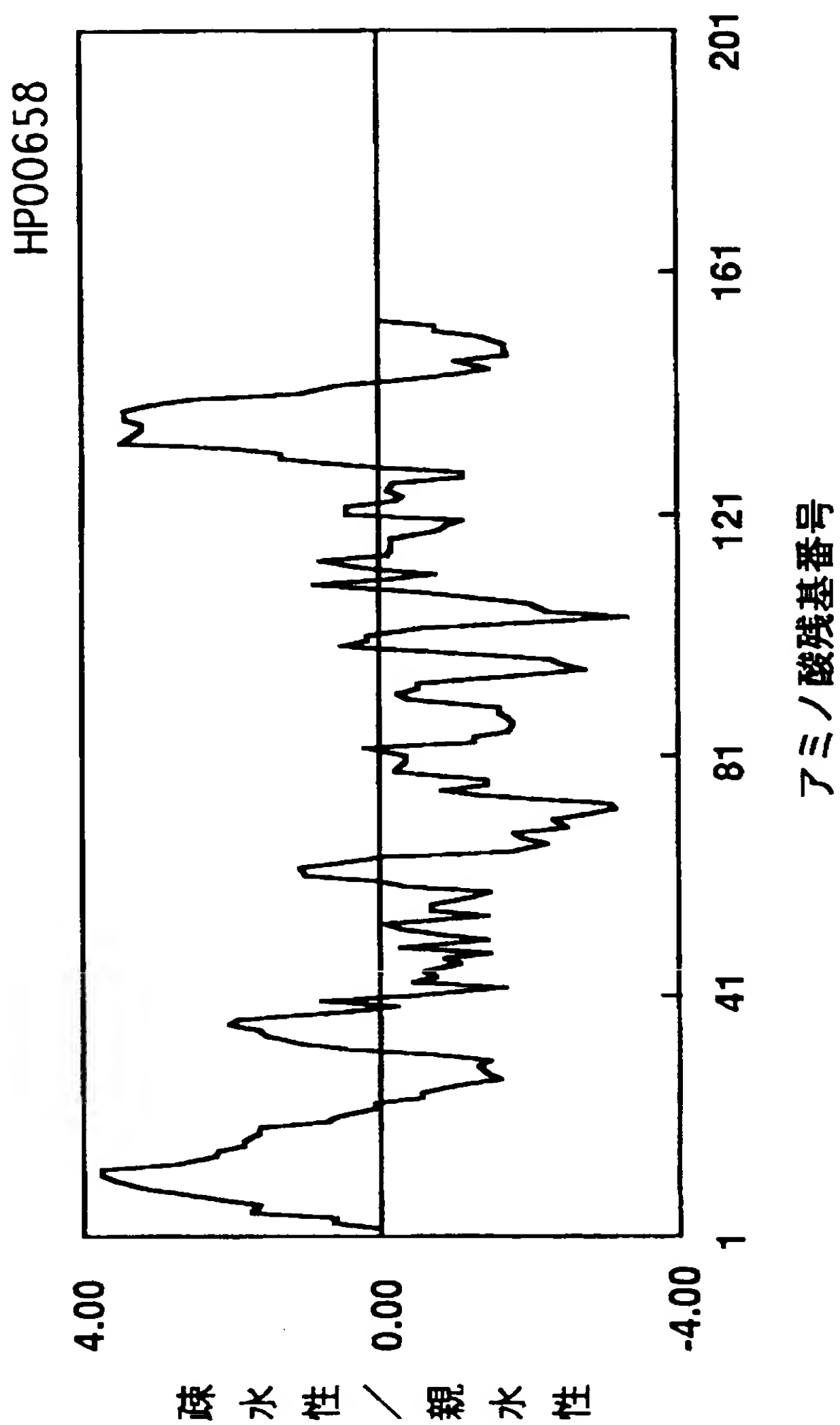
【図1】



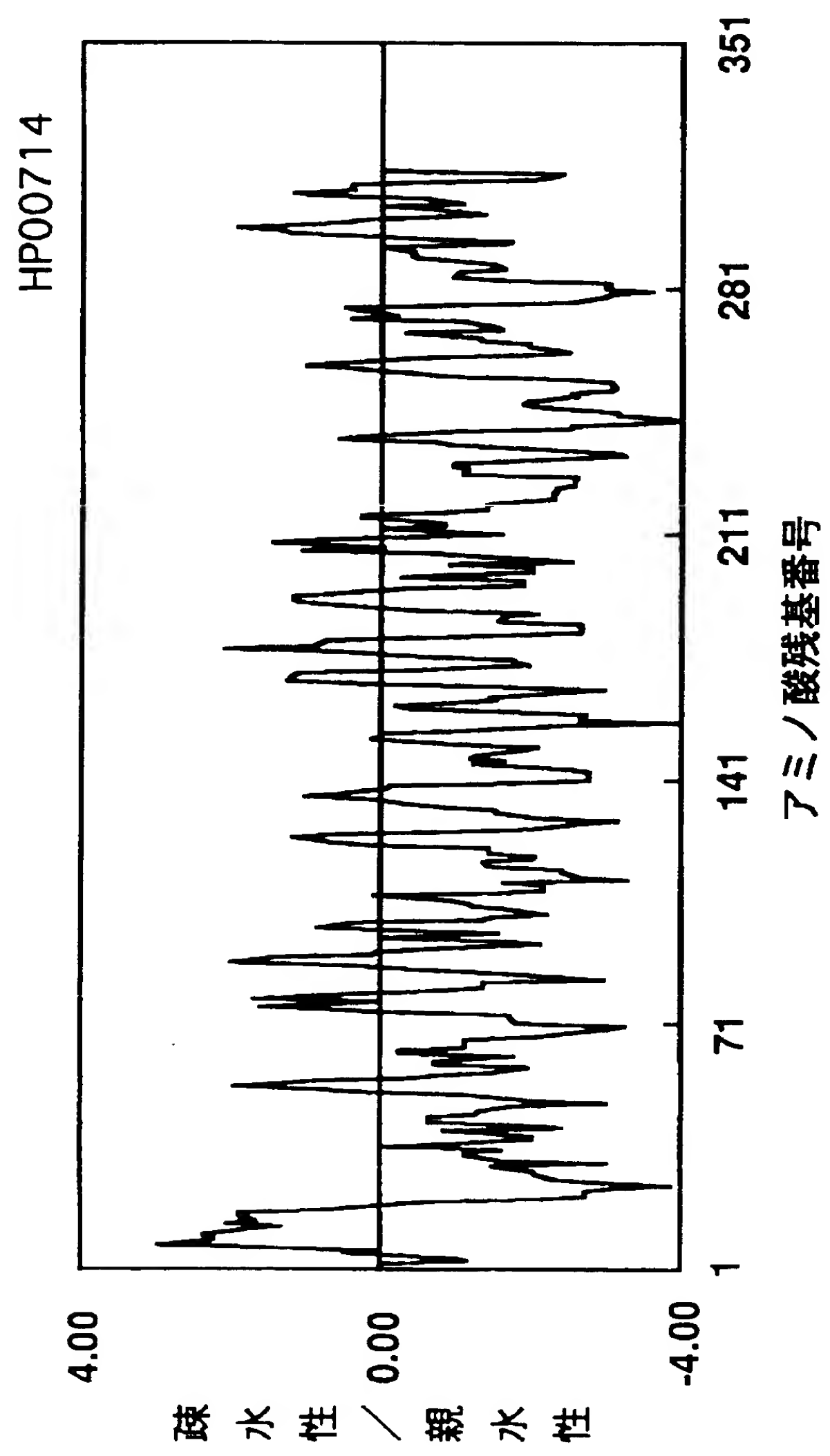
【図2】



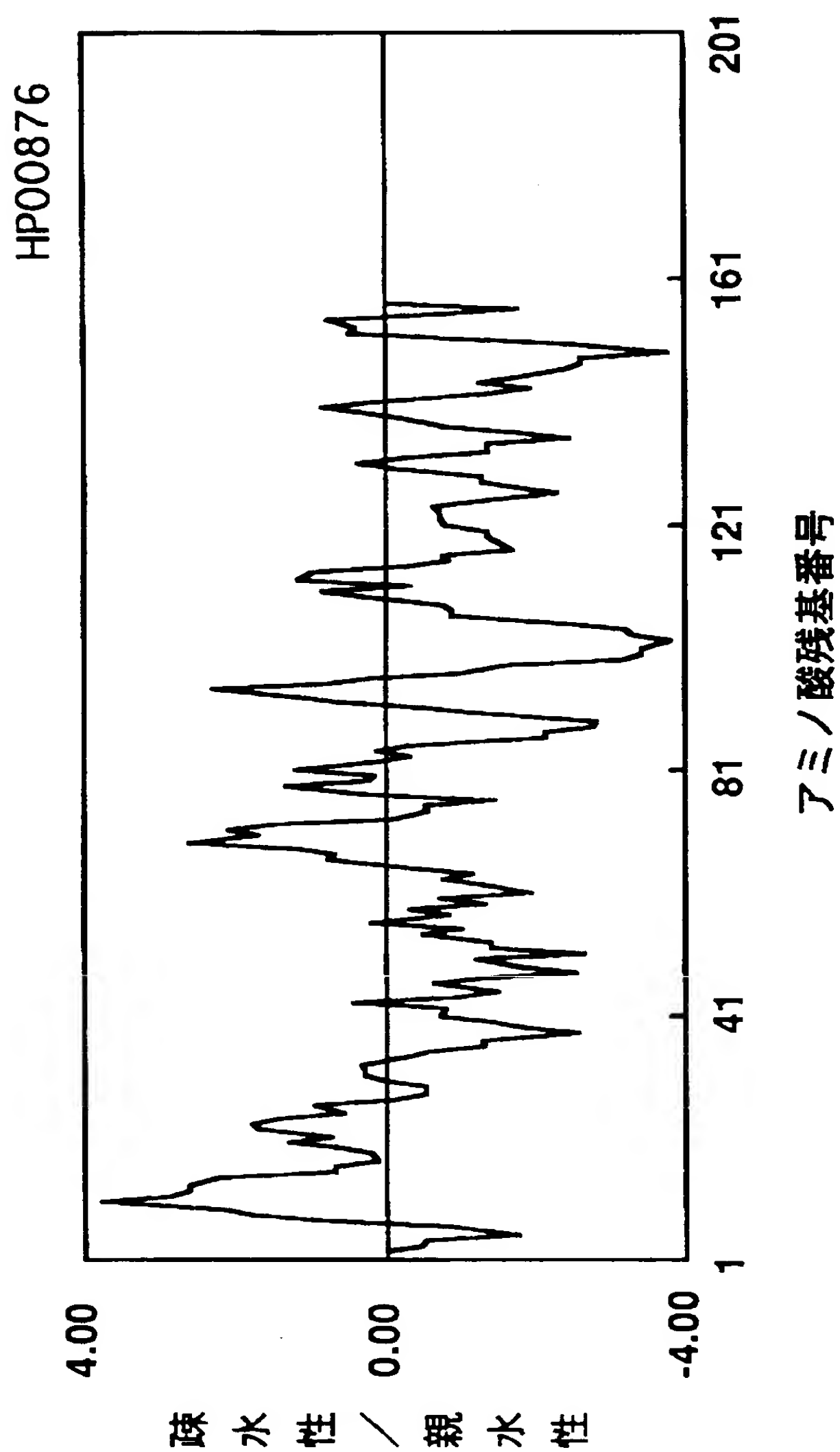
【図3】



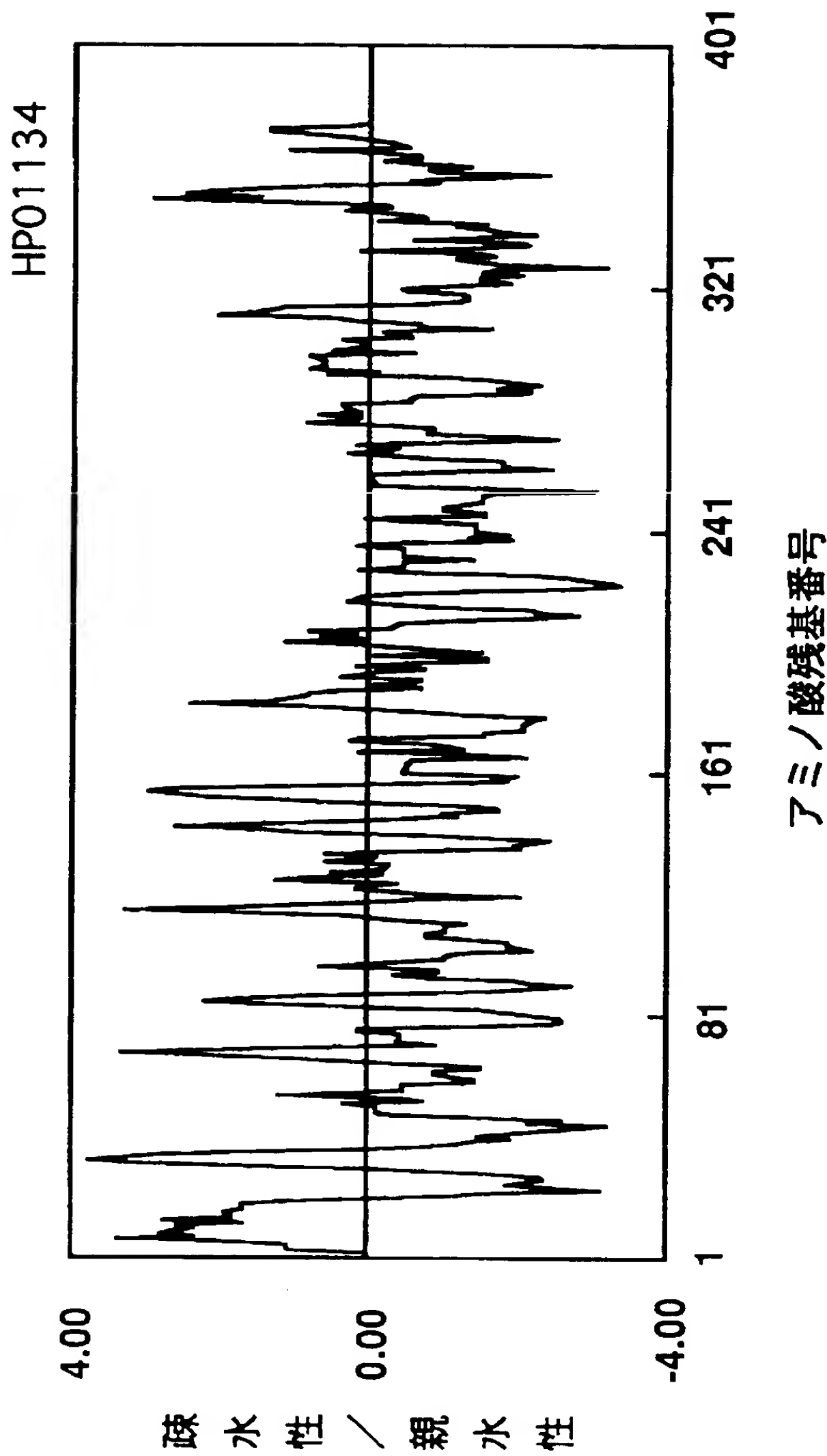
【図4】



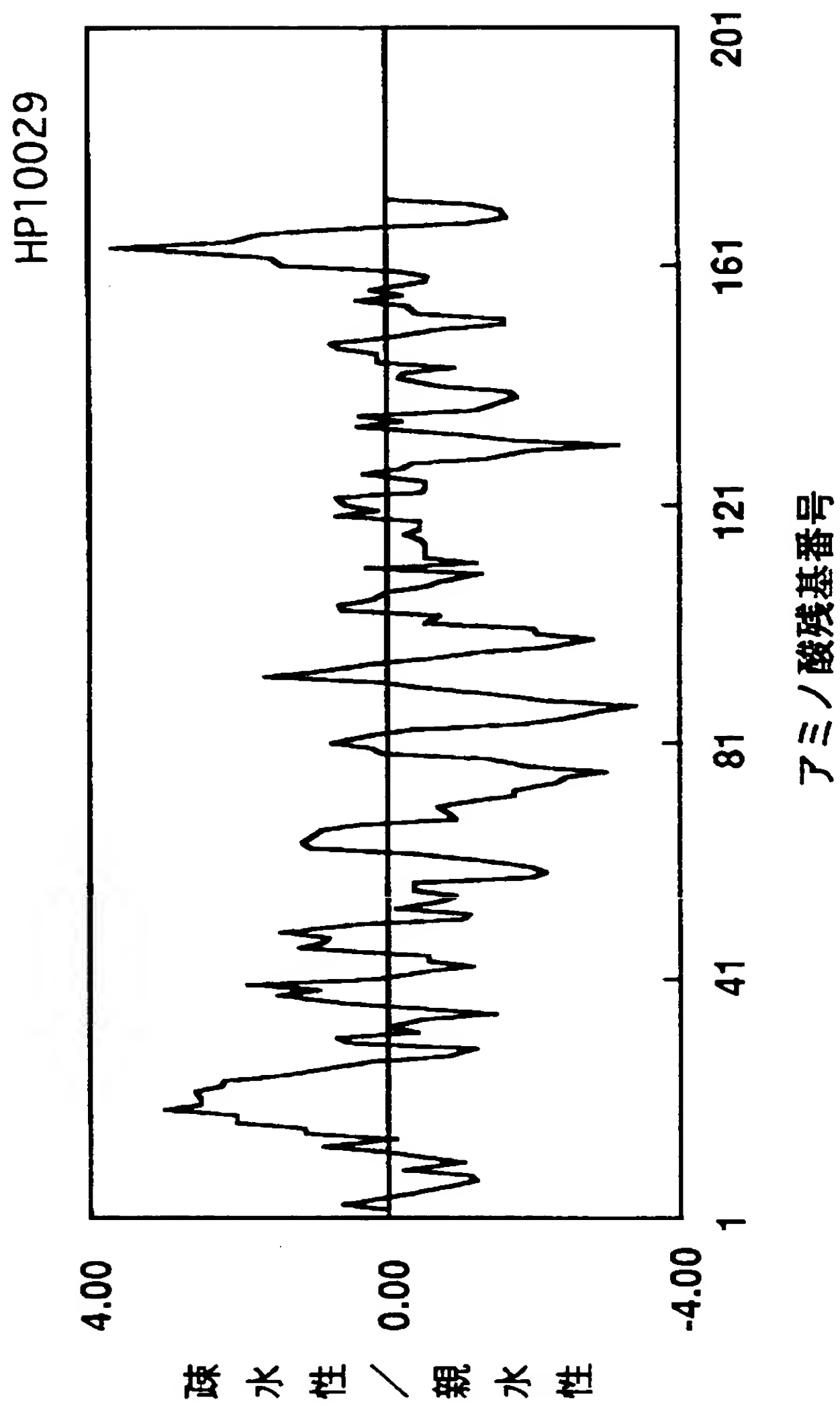
【図5】



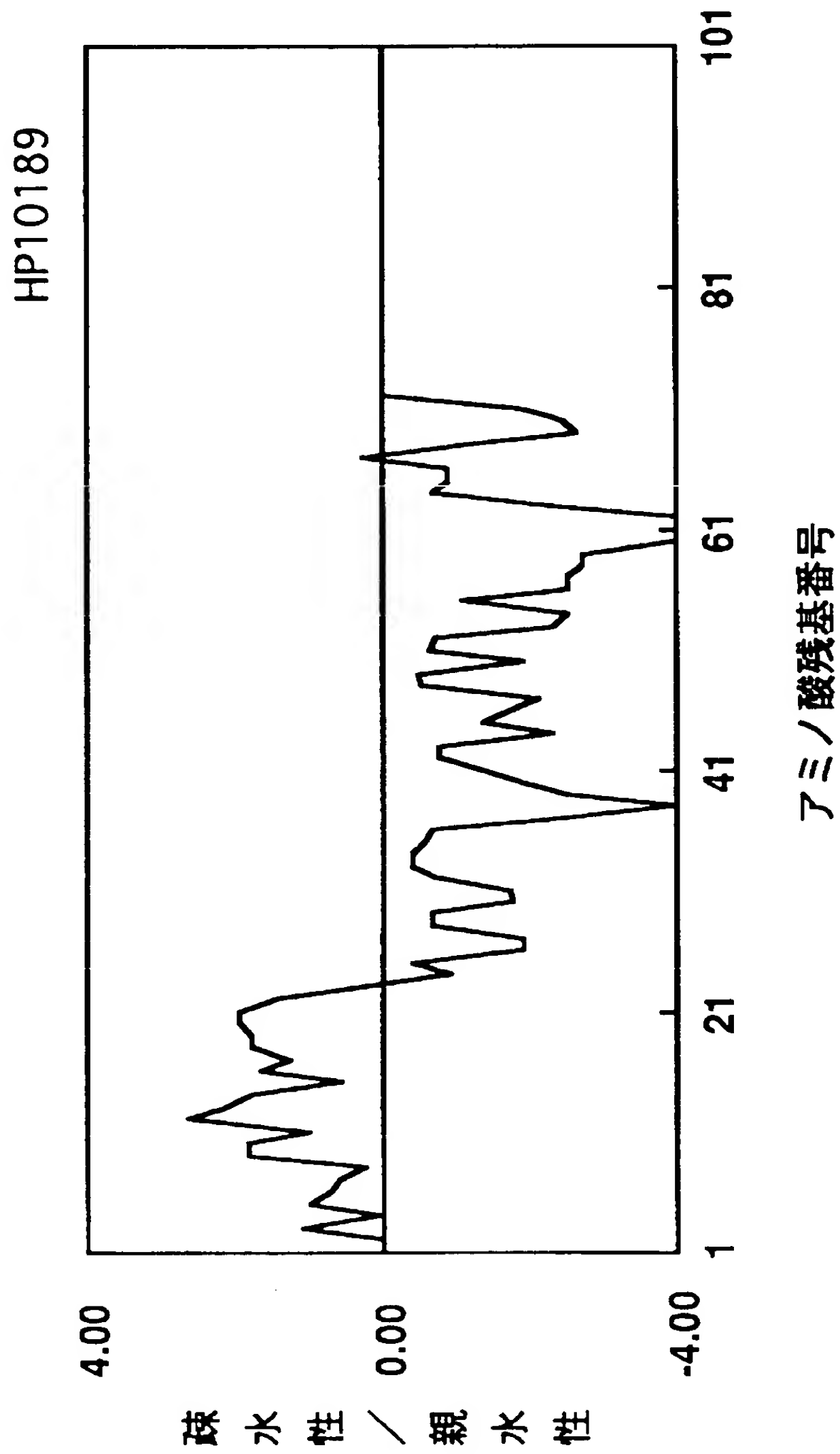
【図6】



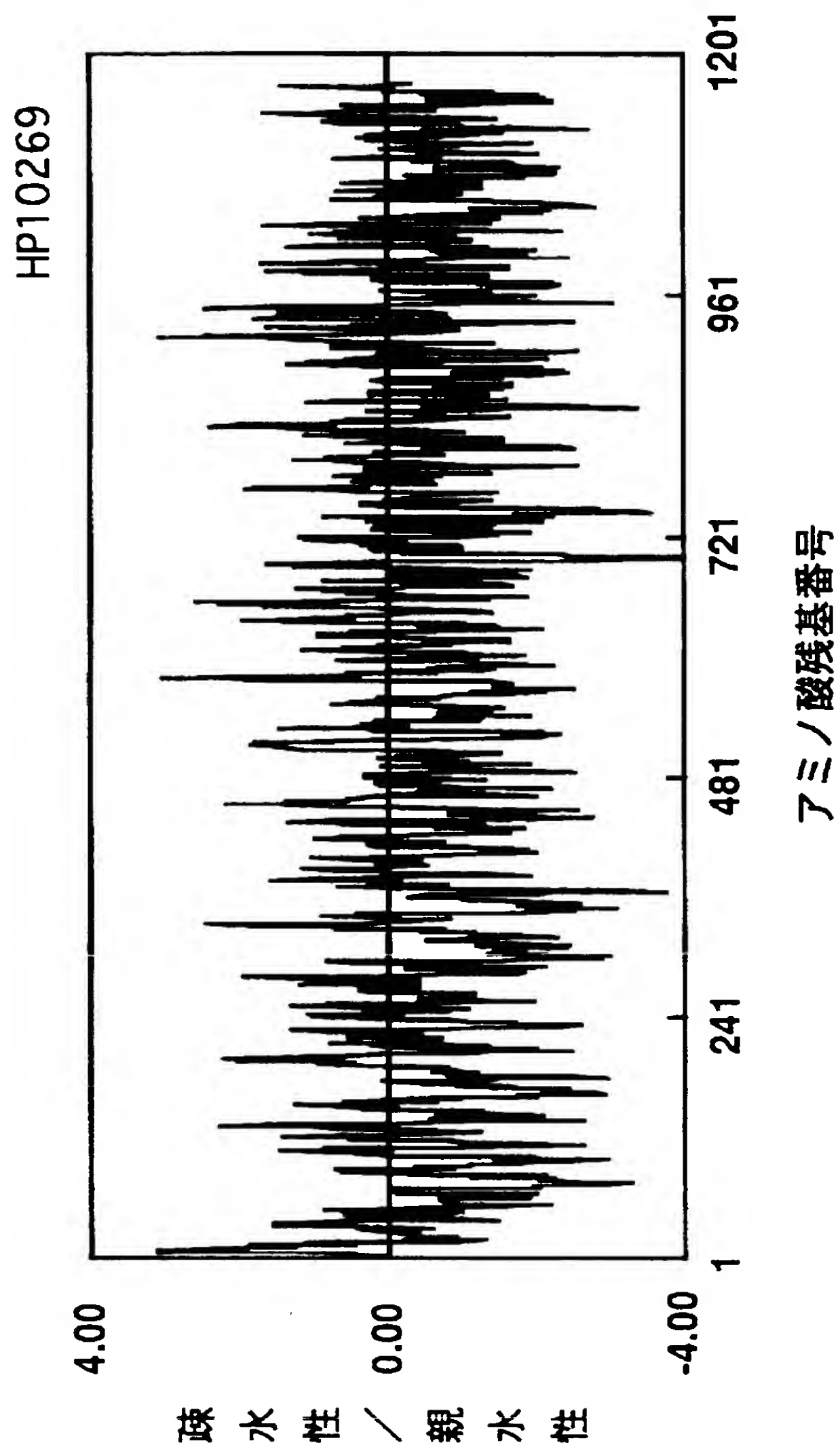
【図7】



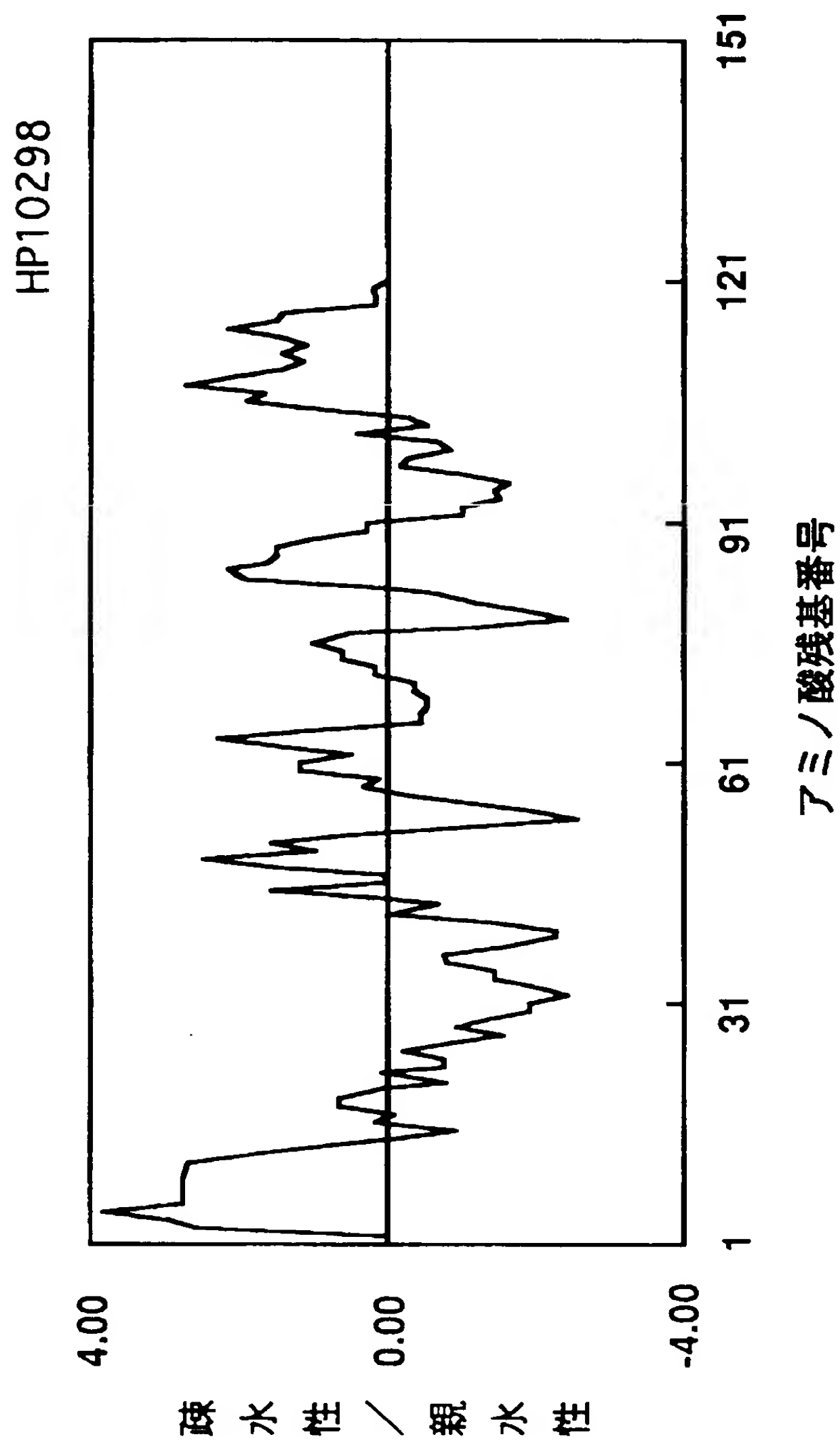
【図8】



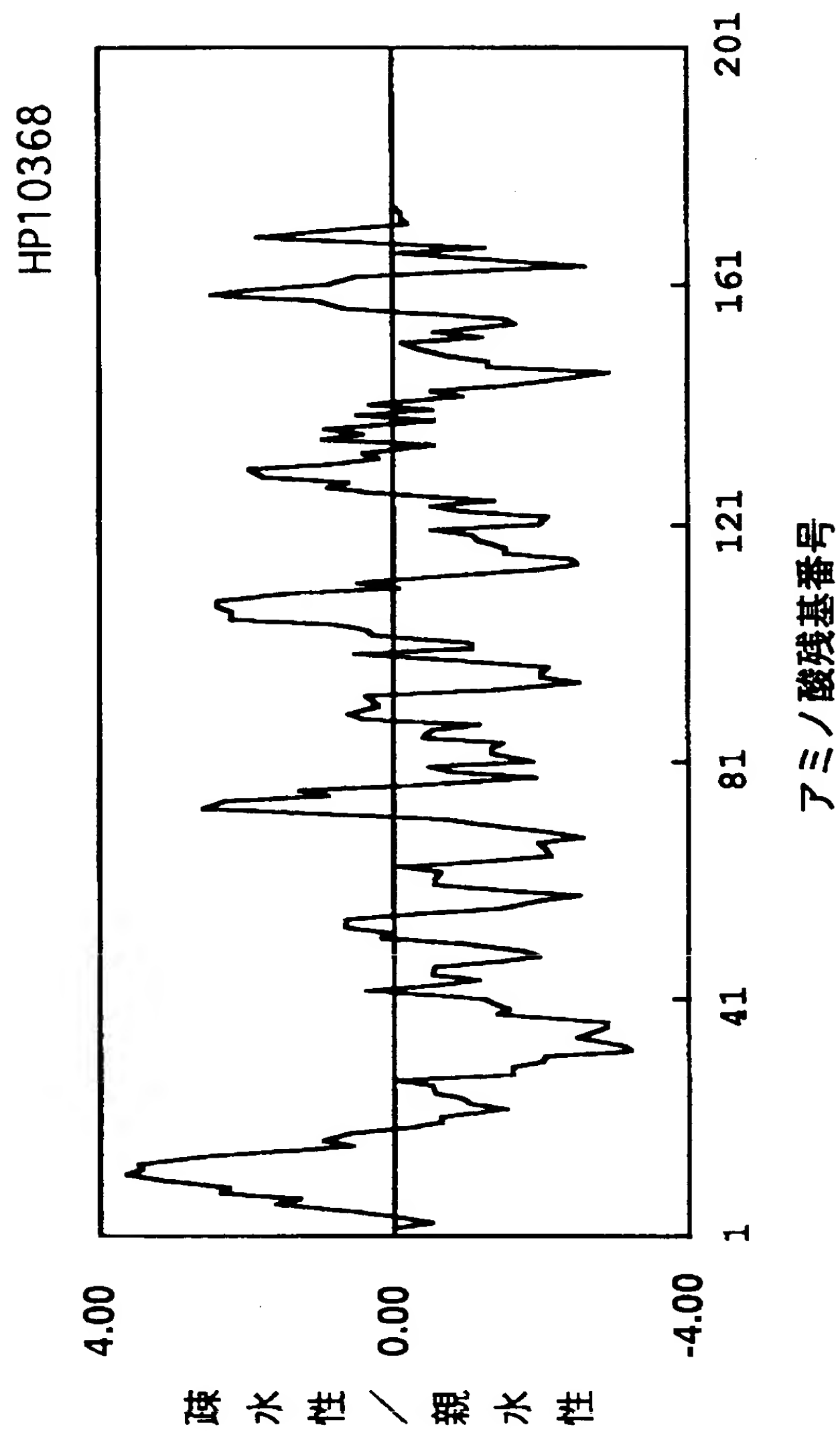
【図9】



【図10】



【図 1 1】



【書類名】 要約書

【要約】

【課題】 分泌シグナル配列を有するヒト蛋白質、およびそれをコードしている cDNA を提供する。

【解決手段】 配列番号 1 から配列番号 9 で表されるアミノ酸配列を含む蛋白質および該蛋白質をコードする DNA、例えば配列番号 10 から配列番号 18 で表される塩基配列を含む cDNA。分泌機能が確認された分泌シグナル配列を有するヒト蛋白質をコードしている cDNA、およびこのヒト cDNA の組換え体を発現させることにより該蛋白質を提供することができる。

【選択図】 なし

【書類名】 職権訂正データ
【訂正書類】 特許願

<認定情報・付加情報>

| | |
|----------|--------------------|
| 【特許出願人】 | 申請人 |
| 【識別番号】 | 000173762 |
| 【住所又は居所】 | 神奈川県相模原市西大沼4丁目4番1号 |
| 【氏名又は名称】 | 財団法人相模中央化学研究所 |
| 【特許出願人】 | |
| 【識別番号】 | 596134998 |
| 【住所又は居所】 | 東京都目黒区中町2丁目20番3号 |
| 【氏名又は名称】 | 株式会社プロテジーン |

特平 8-243060

出 願 人 履 歴 情 報

識別番号 [000173762]

1. 変更年月日 1995年 4月14日

[変更理由] 住所変更

住 所 神奈川県相模原市西大沼4丁目4番1号

氏 名 財団法人相模中央化学研究所

特平 8-243060

出 願 人 履 歴 情 報

識別番号 [596134998]

1. 変更年月日 1996年 9月13日
[変更理由] 新規登録
住 所 東京都目黒区中町2丁目20番3号
氏 名 株式会社プロテジーン